Analyse von Interaktionen des Hepatoma-derived growth factors (HDGF)

Identifizierung und Charakterisierung eines HDGF enthaltenden Ribonukleo-Protein-Komplexes

Dissertation

zur

Erlangung des Doktorgrades (Dr. rer.nat.)

der

Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät

der

Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

vorgelegt von

Stephanie Bremer

aus

Siegen

Bonn 2011

Angefertigt mit Genehmigung der Mathematisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät der Rheinischen Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn.

1. Gutachter: Prof. Dr. Volkmar Gieselmann

2. Gutachter: Prof. Dr. Christa Müller

Tag der mündlichen Prüfung: 27. Februar 2012

Erscheinungsjahr: 2012

Meiner Familie

Abkürzungsverzeichnis

AK	Antikörper
ARE	Adenosin und Uracil-reiches Element
AS	Aminosäuren
Bcl-2	B-Zell Lymphoma 2
BN	Blau Nativ
bp	Basenpaare
BSA	Rinderserumalbumin
cDNA	„copy“ Desoxyribonukleinsäure
cds	Kodierende Sequenz
DAPI	4’,6-Diamidin-Phenylindol
DEPC	Diethylpyrocarbonat
DMEM	Dulbeccos modifiziertes Eagle Medium
DNA	Desoxyribonukleinsäure
DNA-PKcs	Katalytische Untereinheit der DNA-abhängigen Proteinkinase
DTT	Dithiothreitol
ECL	Verstärkte Chemilumineszenz
EDTA	Ethylendiamintetraessigsäure
ESI	Elektrospray-Ionisierung
FASP	Filter-basierte Probenvorbereitung
FCS	Fötales Kälberserum
GST	Glutathion-S-Transferase
HATH	Homolog zum Aminoterminus von HDGF
HDGF	Hepatoma-derived growth factor
HMG	High Mobility Group
HRP	HDGF-verwandte Proteine
IP	Immunpräzipitation
kDa	Kilodalton
LB-Medium	Luria-Bertani-Medium
LC	Flüssigkeitschromatographie

Lsg.	Lösung
mRNA	Boten-Ribonukleinsäure
MS	Massenspektrometrie
NLS	Nukleäre Lokalisationssequenz
PAGE	Polyacrylamid-Gelelektrophorese
PARP-1	Poly(ADP-Ribose)Polymerase-1
PBS	Phosphat-gepufferte Saline
PCR	Polymerasekettenreaktion
PFA	Paraformaldehyd
PP2A	Protein Phosphatase 2A
PTM	Posttranslationale Modifikation
RT	Raumtemperatur
S	Serin
SDS	Natriumdodecylsulfat
SEAP	Sekretierte Alkalische Phosphatase
SFPQ	Prolin und Glutamin-reicher Spleiß-Faktor
SILAC	Stable isotope labeling with amino acids in cell culture
TAE	Tris-Acetat-EDTA
TBS	Tris-gepufferte Saline
TNF	Tumornekrosefaktor
Tris	Tris(hydroxymethyl-)aminomethan
UTR	Untranslatierte Region
VL	Volllängen mRNA von Bcl-2
WT	Wildtyp

Inhaltsverzeichnis

Abbildungsverzeichnis

1 Einleitung

1.1 Proteomik

1.1.1 Proteom

Das Forschungsgebiet der Proteomik beschäftigt sich mit der Analyse von Proteomen. Unter dem Begriff Proteom versteht man alle Proteine, die von einem Genom, einer Zelle oder einem Gewebe unter definierten Bedingungen und zu einem bestimmten Zeitpunkt gebildet werden (Deutsche Gesellschaft für Proteomforschung (DGPF)). Darunter wird unter anderem die Klärung der Identität von Proteinen, die Bestimmung von Primärsequenzen unbekannter Proteine, die Untersuchung posttranslationaler Modifikationen (PTM) sowie die Quantifizierung von Proteinen in unterschiedlichen Zuständen verstanden [1]. Die Voraussetzung für das Verständnis ganzer Proteinnetzwerke ist die Analyse von Protein-Protein Interaktionen. Diese übergreifenden Erkenntnisse bieten dann die Möglichkeit, einzelne Proteine mit bislang unbekannter Funktion in größere funktionelle Zusammenhänge zu setzen.

1.1.2 Protein-Protein Interaktionen allgemein

Betrachtet man das Genom verschiedener Organismen, wird deutlich, dass ihre unterschiedliche Komplexität nicht alleine auf der Ebene der Gene erklärt werden kann. Der Anzahl der Gene des humanen Genoms (ca. 30.000) stehen über 32.000 Gene der Maispflanze (Zea mays) gegenüber [2]. Die Taufliege (Drosophila melanogaster) wartet mit immer noch 13.000 Genen auf, die Bäckerhefe (Saccharomyces cerevisiae) besitzt noch 6000 Gene [3,4]. Statistische Untersuchungen zum Interaktom, worunter man die Gesamtheit von Protein-Interaktionen versteht, zeigte jedoch, dass im Menschen ca. 650.000 Protein-Wechselwirkungen vorhergesagt werden, wohingegen für den Hefeorganismus nur ca. 30.000 dieser Wechselwirkungen berechnet wurden [5]. Die Gründe für Unterschiede in der Komplexität von Organismen können daher

nur auf Proteinebene gesucht werden. Dies entspricht auch deshalb den Erwartungen, da Proteinkomplexe an fast allen wichtigen zellulären Vorgängen beteiligt sind. Dazu zählen die elementaren Vorgänge in einer Zelle wie DNA-Replikation, Transkription, Translation und Zellzykluskontrolle ebenso wie Signaltransduktion und Sekretion. Neben großen, gut untersuchten Proteinkomplexen wie dem Spleißosom [6], dem Ribosom [7] oder dem Nukleären Poren-Komplex [8], ist die größte Anzahl der Proteinkomplexe jedoch meist von transienter Natur. Neben Interaktionen kann auch die Modifizierung von Proteinen transient sein, z.B. die Phosphorylierung durch Proteinkinasen oder die Dephosphorylierung durch Phosphatasen. Des Weiteren werden transiente Protein-Interaktionen für die Bildung von Transkriptionskomplexen, die korrekte Faltung von Proteinen oder dem Transport von Proteinen durch Membranen benötigt. Da jedoch zunächst die Konditionen, unter denen es zur Bildung der transienten Proteinkomplexe kommt, bekannt sein müssen, sind diese Proteinkomplexe sehr viel schwieriger zu isolieren [9]. Durch die Weiterentwicklung im Bereich der Proteomforschung und insbesondere der Massenspektrometrie stehen heute Methoden zur Verfügung, die eine Detektion hochmolekularer Proteinkomplexe ermöglichen, die nur zu geringen Anteilen in der Zelle vorliegen. Ein vereinfachtes schematisches Beispiel für die Anreicherung, Detektion und Analyse von Proteinkomplexen im Rahmen einer Proteom-Studie ist in Abbildung 1-1 dargestellt.

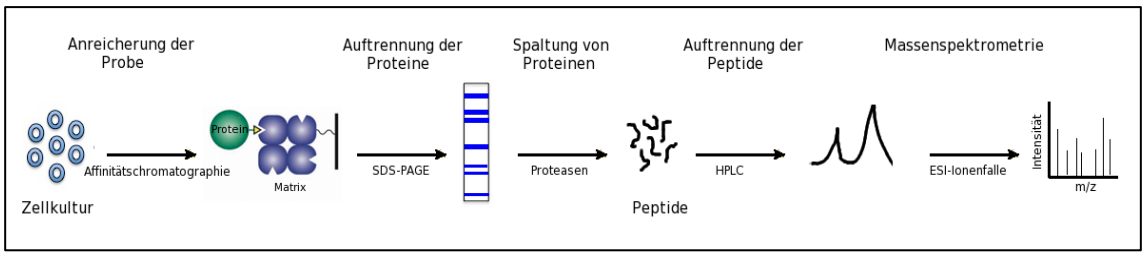


Abbildung 1-1: Beispiel für die Durchführung einer Proteom-Analyse zur Identifizierung von Proteinkomplexen.

Die Proteine von Interesse werden zunächst in einem hochselektiven Schritt aus der Ausgangsprobe angereichert. Für den Schritt der Anreicherung ist hier exemplarisch die Affinitätschromatographie dargestellt. Anschließend erfolgt in der Regel die Auftrennung der Proteine, die z.B. durch eine elektrophoretische Trennung (SDS-PAGE) erreicht wird. Die aufgetrennten Proteine werden anschließend durch Proteasen gespalten und die erzeugten

Peptide über chromatographische Methoden wie der HPLC aufgetrennt. Die Analyse der Peptide erfolgt dann mit Hilfe eines Massenspektrometers.

1.1.3 Methoden zur Analyse von Protein-Protein Interaktionen

Da das bzw. die Proteine von Interesse in den meisten Fällen nur einen sehr geringen Anteil am Gesamtproteingehalt einer Probe ausmachen, muss zunächst eine hochselektive Anreicherung und Auftrennung gegenüber dem restlichen Zellmaterial erfolgen [9,10]. Für diesen entscheidenden Schritt wurden verschiedene Methoden entwickelt, die im Folgenden kurz vorgestellt und ihre Vor- und Nachteile diskutiert werden sollen. Eine Übersicht der Methoden ist in Tabelle 1-1 dargestellt.

Der Aufreinigungsschritt erfolgt bei den meisten Methoden über eine Affinitätschromatographie, bei der sich die Interaktion von in der Regel zwei Biomolekülen zunutze gemacht wird. Wenn eines dieser Moleküle an einer festen Matrix gebunden vorliegt, kann das andere aus komplexerem Material wie z.B. Zelllysaten aufgereinigt werden. Verschiedene Parameter können dabei Einfluss nehmen, wie z.B. die Bindungsaffinität der Komplexkomponenten sowie die Stabilität und Löslichkeit der Proteine während der Aufreinigung. Eine klassische Methode ist die Immunpräzipitation (IP) mit Antikörpern, die spezifisch ein Epitop des Proteins von Interesse erkennen und binden. Dadurch kann eine endogene Komponente eines Komplexes unter physiologischen Bedingungen isoliert werden. Als problematisch ist bei dieser Methode eine mögliche Kreuz-Reaktivität zwischen dem Antikörper und anderen Proteinen zusätzlich zum gewünschten Protein anzusehen. Ist die Voraussetzung eines präzipitierenden Antikörpers nicht gegeben, kann die Aufreinigung über Epitop-tags erfolgen. Dabei werden Fusionsproteine bestehend aus dem gewünschten Protein und einem Epitop-tag kloniert, welche in Zellkultursystemen exprimiert werden können. Die Aufreinigung erfolgt dabei über den angehängten Tag. Als Beispiele für solche Tags sind der Myc-tag, der HA-tag, der Flag-tag und der Strep-tag zu nennen. Neben einer hohen Reproduzierbarkeit dieser Methode

sind jedoch auch einige Nachteile aufzuführen. Zunächst einmal ist man bei dieser Methode auf die Nutzung von Zellkultursystemen limitiert. Des Weiteren besteht die Gefahr, dass es durch einen erhöhten Expressionsspiegel des Proteins zur Bildung eines Komplex-Artefaktes kommt. Nicht auszuschließen ist ebenfalls der Einfluss des Tags auf die Aktivität, Faltung sowie die Funktion des Proteins. Eine weitere etablierte Methode ist der GST-Pulldown, der jedoch vor allem zur Analyse von direkten Proteininteraktionen verwendet wird. Dabei wird das gewünschte Protein als GST-Fusionsprotein in E.coli exprimiert und in der Regel an eine Matrix gekoppelt. Auf diesem Weg können dann spezifische Bindungspartner aus komplexeren Proben wie Zelllysaten gereinigt werden. Voraussetzung für diese Methode ist die Löslichkeit des rekombinanten Proteins. Ein Vorteil dieser etablierten und robusten Methode ist, dass auch schwache Interaktionen aufgrund der hohen Menge an rekombinantem Protein detektiert werden können. Interaktionen, die von posttranslationalen Modifikationen abhängen, können über diesen Weg jedoch nicht detektiert werden. Des Weiteren muss bedacht werden, dass es zur Konkurrenzsituation hinsichtlich der Komplexpartner zwischen endogenem und rekombinantem Protein kommen kann und so nur ein geringer Anteil des rekombinanten Proteins in Komplexen vorliegt. Daher wird der GST-Pulldown hauptsächlich für die direkte Interaktionsanalyse zweier Proteine verwendet. Bei der Tandem-Affinitäts-Aufreinigung (TAP) werden zwei Tags verwendet, die durch eine Protease-Schnittstelle für die TEV (Tobacco Etch Virus)-Protease getrennt sind. Der erste Aufreinigungsschritt erfolgt dabei über den Protein A-tag. Der angereicherte Komplex wird anschließend durch die Protease abgeschnitten. Es folgt ein zweiter Aufreinigungsschritt, bei dem eine Bindung des Calmodulin Binding Peptide (CBP) an Calmodulin Beads erfolgt. Vorteil dieser Methode ist eine Reduktion der Proben-Komplexizität sowie ein geringerer Hintergrund unspezifisch bindender Proteine. Die TAP-Methode wird vor allem in größer angelegten Interaktom-Analysen verwendet [9-11].

.

Tabelle 1-1: Methoden zur Anreicherung von Proteinkomplexen (modifiziert nach Bauer und Kuster, 2003).

	Prinzip	Vorteile	Nachteile	Anwendung
Immunpräzipitation	Antikörper erkennt spezifisches Epitop	Physiologische Bedingungen Schnelle Methode	Voraussetzung: präzipitierender AK Unspezifische Bindungen möglich	Ko-Immunpräzipitationen
Epitop-Tag	Aufreinigung eines Fusionsproteins über angehängten Tag	Hohe Reproduzier-barkeit	Auf Zellkultursystem beschränkt Hoher Expressionsspiegel begünstigt Bildung von Artefakten Tag kann Aktivität und Funktion beeinträchtigen	Analyse von Protein-komplexen in Zell-systemen Beispiele für Tags: Myc, HA, Flag und Strep-tag
GST-Pulldown	Rekombinantes GST-Fusionsprotein aus E.coli	Etabliert und robust Identifizierung auch schwacher Interaktionen möglich	Fusionsprotein muss löslich sein Konkurrenz mit endogenem Protein Interaktionen, die von PTM`s abhängen können nicht detektiert werden	Analyse individueller Protein-Interaktionen
Tandem-Affinitäts-Aufreinigung (TAP)	Strategie mit zwei Tags (ProtA und CBP) und Spaltung durch Protease TEV	Geringere Bindung unspezifischer Proteine Mildere Bedingungen möglich	Siehe Tag-Strategie	Analyse von komplexen Proben zur Interaktom-Analyse

1.1.4 Strep-tag

Als Beispiel für eine Aufreinigung über einen Epitop-tag soll das Prinzip der Strep-tag Aufreinigung kurz erläutert werden. Der Strep-tag II, der im Folgenden

nur als Strep-tag bezeichnet wird, ist ein kleines Peptid, welches für acht Aminosäuren kodiert: WSHPQFEK [12]. Der Strep-tag weist eine hohe Spezifität zu Strep-Tactin auf, bei dem es sich um ein modifiziertes Streptavidin handelt. Der Vorteil von Strep-Tactin ist eine deutlich höhere Bindungsaffinität für das Strep-tag Peptid [13]. Aufgrund seiner geringen Größe behindert der Strep-tag in der Regel weder die Faltung noch die Sekretion von Proteinen. Auch die Funktion der Proteine wird in der Regel nicht beeinflusst. Im Gegensatz zum His_6- oder Flag-tag ist die Aufreinigung über den Strep-tag nicht von Metallionen abhängig [11]. Die Elution kann mit D-Biotin (hohe Affinität) oder D-Desthiobiotin (geringere Affinität) unter milden Bedingungen erfolgen. Junttila und Mitarbeiter konnten durch die Identifizierung eines aktiven PP2A Holoenzym-Komplex zeigen, dass der Strep-tag aufgrund seiner Eigenschaften gut für die Aufreinigung von Proteinkomplexen geeignet ist [14]. Des Weiteren konnte erfolgreich ein viraler Protein-RNA Komplex unter nativen Bedingungen isoliert werden [15]. Eine schematische Darstellung der Aufreinigung über den Strep-tag ist in Abbildung 1-2 gezeigt.

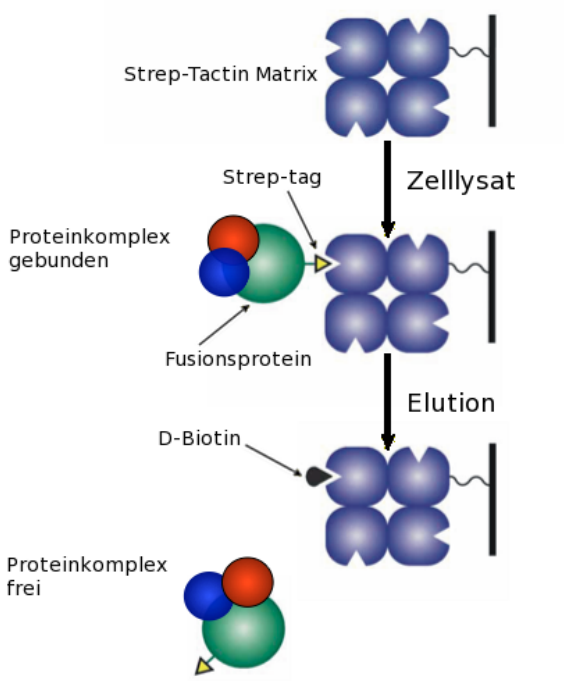


Abbildung 1-2: Prinzip der Strep-tag Aufreinigung.

Nach Äquilibrierung der immobilisierten Strep-Tactin-Matrix, erfolgt die Aufreinigung der Fusionsproteine aus einer komplexen Probe wie z.B. einem Gesamtzelllysat. Nachdem die Proteinkomplexe über das Strep-tag-Fusionsprotein an die Strep-Tactin Matrix gebunden vorliegen, erfolgt nach mehreren Waschschritten die Elution des Proteinkomplexes mit D-Biotin.

1.2 Hepatoma-derived growth factor (HDGF)

1.2.1 Allgemeines

HDGF ist das namensgebende Mitglied einer Familie von Proteinen, die als Wachstumsfaktoren eingeordnet werden. HDGF wurde dabei als erstes Mitglied aus dem Zellüberstand der humanen Hepatomzelllinie HuH-7, sowie einer metanephrotischen Mesenchymalzelllinie der Ratte isoliert [16,17]. Aufgereinigtes HDGF aus dem konditionierten Medium von Cos7-Zellen war in der Lage, die

DNA-Synthese in Fibroblasten zu steigern, so dass eine Funktion als Wachstumsfaktor für das Protein postuliert wurde [18]. Des Weiteren konnte eine mitogene Aktivität von HDGF auch auf glatte Muskelzellen sowie Endothelzellen gezeigt werden [17,19]. Neben HDGF konnten noch fünf weitere Proteine identifiziert werden. Dazu zählen die HDGF-verwandten Proteine HDGF-related-proteins 1-4 (HRP-1-4) sowie der Lens epithelial-derived growth factor (LEDGF). In Abbildung 1-3 wird der modulare Aufbau der Proteine verdeutlicht.

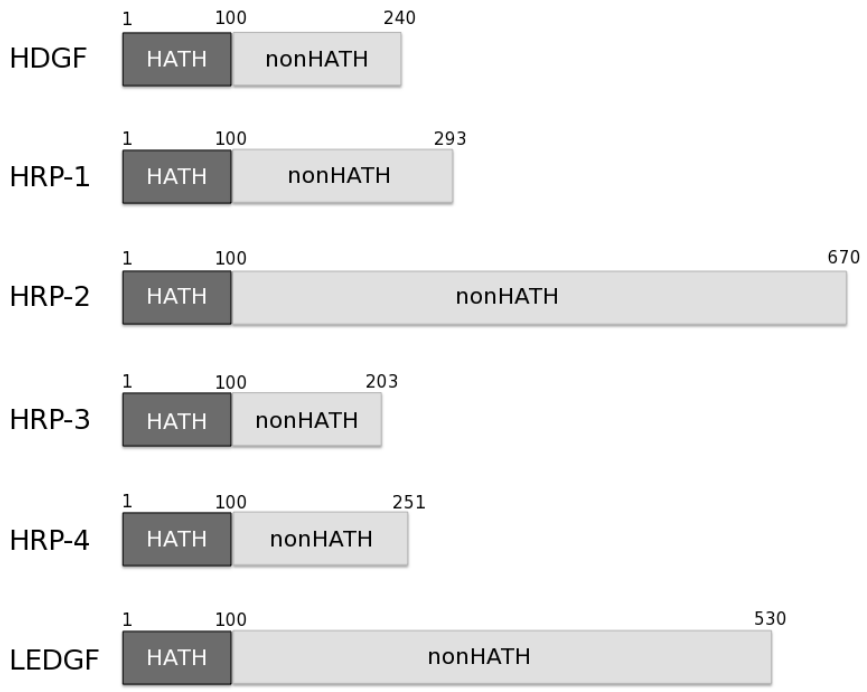


Abbildung 1-3: Aufbau und Struktur der Mitglieder der HDGF-Proteinfamilie.

Alle Mitglieder weisen eine hoch konservierte Region im N-Terminus auf. Diese Region wird als HATH (Homolog zum Aminoterminus von HDGF)-Domäne bezeichnet und umfasst die ersten 100 Aminosäuren. Der C-Terminus (nonHATH) beschreibt den spezifischen Bereich der Mitglieder und unterscheidet sich sowohl hinsichtlich Länge als auch Aminosäurezusammensetzung stark. Die Zahlenangaben in der Abbildung beschreiben die Sequenzlängen der einzelnen Mitglieder.

Allen Mitgliedern gemeinsam ist eine stark konservierte Region im N-Terminus, die aus den ersten 100 Aminosäuren besteht und als HATH (Homolog zum

Aminoterminus von HDGF)-Region bezeichnet wird. Der C-terminale Teil der Proteine, die nonHATH–Region, unterscheidet sich dagegen sowohl in Länge als auch in der Aminosäurezusammensetzung stark. Die cDNA von HDGF kodiert mit 240 Aminosäuren für ein 27 kDa großes Protein, welches aufgrund seiner Primärsequenz 23 % Identität zum High Mobility Group (HMG)-1 Protein aufweist [18]. Das klassische HMG-Box Motif dieser Proteine enthält HDGF jedoch nicht. Es konnte gezeigt werden, dass HDGF in der Lage ist, über eine PWWP-Domäne die im N-Terminus lokalisiert ist, eine 37 bp lange DNA-Sequenz spezifisch zu binden. Diese Sequenz konnte unter anderem in der Promoter-Region des SMYD1-Gens nachgewiesen werden [20]. Des Weiteren konnte für HDGF eine reprimierende Funktion auf die Transkription gezeigt werden. Dabei bindet HDGF an das C-terminale Bindeprotein (CtBP) und führt darüber zu einer Repression der Transkription des SMYD1-Gens [21].

Während die Expression von HRP-3 auf das Nervensystem [22] und von HRP-4 auf den Hoden [23] beschränkt ist, werden HRP-2 und HDGF ubiquitär exprimiert [22]. Die zelluläre Lokalisation von HDGF ist überwiegend nukleär, was durch seine zwei nukleären Lokalisationssignale (NLS 1 und 2) bedingt wird. Die nukleäre Lokalisation von HDGF ist dabei die Voraussetzung für die mitogene Aktivität des intrazellulären Proteins [19]. Neben seiner nukleären Lokalisation in glatten Muskelzellen [24] ist HDGF in Mesenchymal- sowie Hepatomzellen im Zytoplasma lokalisiert [17,25]. Neben dem intrazellulären HDGF ist auch extrazelluläres HDGF in der Lage mitogene Aktivität auszuüben. Voraussetzung dafür ist die Sekretion von HDGF, die aufgrund eines fehlenden Signalpeptids über einen bisher noch unbekannten Sekretionsweg erfolgt. Es konnte gezeigt werden, dass die ersten 10 Aminosäuren von HDGF für die Sekretion verantwortlich sind [26]. Beim extrazellulären HDGF sind im Gegensatz zum intrazellulären HDGF die Aminosäuren 81-100 ausreichend, um die Proliferation von Fibroblasten zu steigern [27]. Neben der Bindung von HDGF an Heparansulfat wird jedoch ein weiterer, bislang unbekannter Rezeptor für die proliferative Wirkung benötigt [28].

HDGF wird während der Entwicklung von Herz, Niere, Lunge, Leber, Gastrointestinal-Trakt sowie dem vaskulären System differentiell exprimiert [17,24,29-31]. Eine grundlegende Rolle von HDGF während der Organentwicklung konnte jedoch anhand eines HDGF-defizienten Mausmodells nicht gezeigt werden [32].

Über eine Beteiligung von HDGF an der normalen Entwicklung hinaus wird HDGF ebenfalls eine Rolle an der Tumorentstehung bzw. an der Progression verschiedener Krebsformen zugeschrieben. Studien mehrerer Arbeitsgruppen konnten eine erhöhte Expression von HDGF in hepatozellulären Karzinomen zeigen, die mit einer schlechten Prognose für den Patienten einherging [25,33-35]. In einem Nacktmausmodell konnten Okuda und Mitarbeiter einen Zusammenhang zwischen HDGF-Expression und Angiogenese zeigen. Hier führte die Injektion von HDGF überexprimierenden Zellen in Mäusen zur Tumorentstehung und verstärkter Angiogenese [36]. Die Mechanismen, die zur verstärkten Angiogenese führten, waren dabei teilweise abhängig und teilweise unabhängig vom Vascular endothelial growth factor (VEGF) [36,37]. Neben seinen proliferativen und angiogenetischen Eigenschaften wird in unterschiedlichen Ansätzen eine inhibierende Rolle für HDGF bei der Einleitung des programmierten Zelltods diskutiert. Ein Ansatz mit siRNAs gegen HDGF und die damit verbundene Verringerung der HDGF-Expression in HepG2-Zellen führte zur Induktion der Apoptose [38,39]. Spezifische monoklonale Antikörper gegen HDGF führten im Mausmodell zu einem geringeren Tumorwachstum und verstärkter Apoptose in nicht-kleinzelligen Lungentumoren [40]. Aufgrund dieser Ergebnisse erscheint HDGF als interessantes Zielmolekül in der Krebstherapie. Die genauen Mechanismen, über die HDGF seine proliferativen, angiogenetischen sowie antiapoptotischen Eigenschaften vermittelt, sind jedoch bis heute weitestgehend ungeklärt.

1.2.2 HDGF und Proteomik

Vergleichende Proteomstudien haben das Ziel, in einem allgemeinen Ansatz Proteine zu ermitteln, die sich bei verschiedenen Bedingungen hinsichtlich ihres

Expressionsspiegels oder ihrer posttranslationalen Modifikationen unterscheiden. HDGF konnte dabei in einigen Studien identifiziert werden. So konnten Bernard und Mitarbeiter in einem vergleichenden Proteomansatz zur Entwicklung von Melanomen zeigen, dass die HDGF-Expression mit der Entwicklung der Melanomen korrelierte. Dabei wurde mit Hilfe einer zweidimensionalen Gelelektrophorese und anschließender Massenspektrometrie gezeigt, dass HDGF in späten Stadien von Melanomen sehr stark, in Melanozyten und Vorstadien hingegen nur gering exprimiert wurde [41]. Auch Hayashi und Mitarbeiter konnten HDGF in einer vergleichenden Proteomstudie identifizieren. Dabei wurde das Expressionsverhalten von Proteinen in regressiven und progressiven Fibrosarkomzellen untersucht. HDGF wies dabei eine verstärkte Expression in den progressiven Tumorzellen auf [42]. HDGF konnte ebenfalls in einer vergleichenden Studie zur Analyse der Expression von Proteinen in vier humanen hepatozellulären Karzinomzelllinien mit unterschiedlichem Grad der Metastasierung identifiziert werden. Ziel dieser Proteomstudie war es, Proteine zu identifizieren, die im Zusammenhang mit dem Vorgang der Metastasierung stehen. Es konnte gezeigt werden, dass HDGF zusammen mit 28 weiteren Proteinen in den Zellen verstärkt exprimiert wurde. Des Weiteren führte die Behandlung der Zellen mit siRNAs gegen HDGF und einer damit einhergehenden verringerten HDGF-Expression zur Induktion der Apoptose [43]. Neben dem Expressionsmuster von Proteinen ist auch die Analyse posttranslationaler Modifikationen ein wichtiger Bestandteil von vergleichenden Proteomanalysen. In Untersuchungen zum nukleären Phosphoproteom von HeLa-Zellen konnten Phosphorylierungsstellen für HDGF an Serin 165, Serin 132, Serin 133 sowie Serin 218 identifiziert werden [44]. Darüberhinaus konnte in einer Analyse des Phosphoproteoms von Kolonadenokarzinomzellen Serin 165 als phosphoryliertes Peptid in der Massenspektrometrie identifiziert werden [45]. Ali und Mitarbeiter konnten ein phosphoryliertes Peptid von HDGF (Serin 165) in einer Studie zum TGFß-induzierten Phosphoproteom nachweisen. Die Analyse erfolgte hier an SILAC (Stable isotope labeled amino acids in cell culture) markierten Kolonkarzinomzellen [46]. Des Weiteren zeigten Clermont und Mitarbeiter, dass

eine mögliche Regulation von HDGF in der frühen Phase der TNF-vermittelten Apoptose durch Phosphorylierung bzw. Dephosphorylierung im Nukleus stattfindet [47]. Neben diesen allgemeinen Proteomstudien, in denen HDGF zusammen mit anderen Proteinen identifiziert werden konnte, gibt es bisher nur wenige Studien, die sich mit einer direkten Analyse von HDGF beschäftigen. Schwerpunkt dieser Studien ist die Analyse der posttranslationalen Modifikationen von HDGF und ihr Einfluss auf seine Funktion. Für die Phosphorylierung von HDGF an Serin 103 konnte gezeigt werden, dass sie für die mitogene Aktivität von HDGF in glatten Muskelzellen notwendig ist [48]. Neben Phosphorylierungen konnte auch eine SUMOylierung von HDGF nachgewiesen werden. Die kovalente Bindung von SUMO-1 an Lysin 80 von HDGF führte zu einer verminderten Bindung des Proteins an Chromatin [49]. Neben der Fragestellung nach möglichen posttranslationalen Modifikationen von Proteinen ist auch die Identifizierung von Proteinnetzwerken ein wichtiges Ziel im Rahmen von Proteomuntersuchungen. Die Identifizierung von Interaktionspartnern ermöglicht es, Einblicke in die beteiligten Signalwege des Proteins zu erhalten. Für HDGF wurde dieser Ansatz bisher nur in einer Studie adressiert. Dabei konnten Lepourcelet und Mitarbeiter einen nukleären HDGF-Komplex isolieren, der neben HDGF die Proteine TLS/FUS sowie die heterogenen Ribonukleoproteine (hnRNPs) K und I enthielt. Bei TLS/FUS handelt es sich um ein Onkoprotein, welches in Sarkomen und hematopoetischen Tumorerkrankungen stark exprimiert wird. Des Weiteren konnte gezeigt werden, dass TLS/FUS in der Lage ist, RNA zu binden [50]. Aufgrund der identifizierten Proteine postulierten Lepourcelet und Mitarbeiter eine Beteiligung von HDGF an der RNA-Prozessierung in Tumoren. Eine funktionelle Bedeutung dieses Komplexes konnte jedoch nicht gezeigt werden [31].

1.3 Ziel der Arbeit

In zahlreichen Studien konnten für HDGF proliferative, angiogenetische und antiapoptotische Eigenschaften nachgewiesen werden. Des Weiteren korreliert die HDGF-Expression in einigen Tumoren stark mit der Malignität des Tumors und der Lebensdauer der Patienten. HDGF wird daher eine vielversprechende Rolle als potentieller prognostischer Marker für einige Tumorarten zugesprochen. Es konnte bis heute jedoch nicht ausreichend geklärt werden, über welche Mechanismen HDGF diese Eigenschaften vermittelt. Ein Ziel in der HDGF-Forschung ist es daher, die beteiligten Signaltransduktionswege zu ermitteln. Die Analyse von Proteinnetzwerken ermöglicht es, auf bislang unbekannte Funktionen von Proteinen rückzuschließen. Für HDGF wurde dieser Ansatz bislang lediglich in einer Studie adressiert. Der Zusammenhang zwischen den ermittelten Interaktionspartnern und möglichen Funktion(en) von HDGF konnte bis heute jedoch nicht gezeigt werden.

Aufgrund des Fehlens funktioneller Daten für HDGF sollte das Ziel dieser Arbeit sein, weitere potentielle Interaktionspartner von HDGF in einem gezielten Proteomansatz zu identifizieren und mögliche Funktionen der Interaktionen zu analysieren. Da HDGF seine proliferativen Eigenschaften auf zwei verschiedenen Wegen (extrazellulär und intrazellulär) ausüben kann, sind für HDGF zwei Ansätze denkbar gewesen. Zum Einen konnte bis heute kein potentieller Rezeptor für HDGF auf der Zelloberfläche identiziert werden und zum Anderen fehlen funktionelle Daten zu Interaktionen von HDGF in der Zelle. In dieser Arbeit sollte das Augenmerk auf den intrazellulären HDGF-Interaktionen liegen. Dafür sollte zunächst gezeigt werden, ob HDGF in hochmolekularen Komplexen in der Zelle vorkommt. Anschließend sollten mögliche Komplexe über affinitätschromatographische Methoden isoliert und ihre Komponenten in der Massenspektrometrie analysiert werden. Bei erfolgreicher Identifizierung von interagierenden Proteinen sollte ein weiteres Ziel dieser Arbeit sein, die Funktion der Interaktionen von HDGF näher zu untersuchen. Hauptziel dieser Untersuchungen sollte sein, einen Einblick in das

Interaktom von HDGF in der Zelle zu erhalten und auf diesem Weg einen Teil zur mechanistischen Aufklärung seiner Eigenschaften beitragen zu können.

2 Material

2.1 Verbrauchsmaterialien

Bezeichnung		Hersteller
Blotting Papier		Schleicher&Schüll
Einmalpipetten		
Einmalspritzen	5,10 und 20 ml	B.Braun
Kryogefäße		Nalgene
Nitrozellulose Transfer Membran		Schleicher&Schüll
Objektträger		Engelbrecht
Paclitaxel		Cytoskeleton
Pasteurpipetten		Assistent
Petrischalen	10 cm	Sarstedt
Pipettenspitzen	weiß, gelb und blau	Greiner
Plastikröhrchen	15 und 50 ml	Sarstedt
Probengefäß Glas Masse		CS-Chromatographie
Reagiergefäße	0,2 - 2 ml	Sarstedt
Röntgenfilm SuperRX		Fuji Medical X-Ray Film
Sterilfilter	0,2 und 0,45 µm Porengröße	Millipore
Strep-Tactin® MacroPrep Beads	4 ml	IBA Tag Göttingen
Strep-Tactin® Z-Säulen		IBA Tag Göttingen
Strep-Tactin® S-Säulen	0,2 ml	IBA Tag Göttingen
Strep-Tactin® Sepharose Beads	4 ml	IBA Tag Göttingen
Vollpipetten	5,10 und 25 ml	Heinrich EM
Zellkulturplatten	10 cm, 6 well, 24 well	Greiner Bio-One

2.2 Chemikalien

Sofern nicht anders erwähnt, wurden Chemikalien von Roth, Fluka oder Merck bezogen. Für die Extraktion von DNA wurden die entsprechenden Kits von Qiagen und Fermentas verwendet. Restriktionsenzyme wurden ebenfalls von Fermentas erworben.

Chemikalie	**Hersteller**
Agarose	Invitrogen
DAPI (4‘,6-Diamidin-2-Phenylindol)	Sigma Aldrich
Dc Protein Assay Reagent A, B und S	BioRad
DSS	Sigma Aldrich
Fetales Kälberserum (FCS)	Invitrogen
Fluorescein 2 µM	Sigma Aldrich
GlutamaxTM (Zellkultur)	Gibco BRL
HABA	IBA Tag Göttingen
Milchpulver	Reformhaus
Mowiol 4-88	Calbiochem
Natriumdodecylsulfat (SDS)	BioRad
PAGE Blue™ Staining Solution	Fermentas
Paraformaldehyd	Merck
Protein A Sepharose™CL-4B	GE Healthcare
SYBR® Green Jump Start™ Taq Ready Mix™	Sigma Aldrich
Trizol	Invitrogen
Trypsin Massenspektrometrie	Sigma Aldrich
Trypsin-Lösung Zellkultur	Gibco BRL
Tween 20	Sigma Aldrich
Verstärkte Chemilumineszenz-Lösung (ECL)	Pierce

2.3 Allgemeine Lösungen und Puffer

Sofern nicht anders angegeben, wurden die verwendeten Lösungen und Puffer nach Vorschrift aus dem Laborhandbuch von Sambrook (Sambrook, 1989) hergestellt.

Name	Bestandteile	Herstellung
10x Anodenpuffer BN-PAGE	500 mM Tris-HCl	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,0 einstellen.
10x Kathodenpuffer BN-PAGE	500 mM Tricin 150 mM Tris +/- 0,2 % Coomassie G	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,0 einstellen.
10x PBS	1,71 M NaCl (100 g/l) 33,5 mM KCl (2,5 g/l) 40 mM Na_2HPO4 (7,12 g/l) 18,4 mM KH_2PO_4	Substanzen in ddH_2O lösen und den pH auf 7,4 einstellen.
10x Probenpuffer BN-PAGE	5 % Coomassie G 500 mM ε-Aminocapron-säure 100 mM Bis-Tris-HCl	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,0 einstellen.
10x SDS-Laufpuffer	30,3 g Tris-Base 144,0 g Glycerin 10 g SDS	Ad 1 l mit ddH_2O auffüllen.
10x Tris gepufferte Saline (TBS)	0,5 M Tris-HCl (78,8 g/l) 1,5 M NaCl (87,66 g/l)	In 800 ml ddH_2O lösen und pH Wert auf 7,4 einstellen. Anschließend mit ddH_2O auf 1 l auffüllen.
2x HBS-Puffer	50 mM Hepes 280 nM NaCl 1,5 mM Na_3PO_4	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,13 einstellen.

3x Trenngelpuffer BN-PAGE	200 mM ε-Aminocapron-säure 150 mM Tris-HCl	Substanz in ddH_2O lösen und auf pH 7,0 einstellen.
4x SDS-Proben-puffer nach Lämmli	0,25 M Tris-HCl 8 % SDS 40 % Glycerol 10 % β-Mercaptoethanol 0,004 % Bromphenolblau	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 6,8 einstellen.
50x Tris-Acetat-EDTA (TAE) Puffer	2,5 M Tris 100 mM EDTA 1 M Natriumacetat	Substanzen in ddH_2O lösen und mit Eisessig auf pH 8,0 einstellen.
ABC-Lösung	50 mM NH_4HCO_3	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,0
Agarplatten	LB-Medium 1,5 % Agar (w/v)	Autoklavierte Lösung wird auf ca. 50°C abgekühlt und in Petrischalen gegossen.
Ampizillin-Stocklösung	100 mg/ml	Substanz in ddH_2O gelöst.
Blotpuffer	48 mM Tris-Base 39 mM Glycin 0,037 % SDS 20 % MeOH (v/v)	Substanzen in 800 ml ddH_2O lösen und mit MeOH auf 1000 ml auffüllen.
DAPI	5 mg/ml	
Elutionspuffer Strep-tag	2,5 mM Biotin / Desthiobiotin 100 mM Tris-HCl 150 mM NaCl 1 mM EDTA	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 8,0 einstellen.
Entfärbe-Lösung	200 mM NH_4HCO_3 40 % Acetonitril	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 8,2 einstellen.
Ethidiumbromid-Lösung	5 mg/ml	Substanz in ddH_2O gelöst.

HB-Puffer	10 mM Hepes 2 mM $MgCl_2$	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,4 einstellen.
IAA-Lösung	50 mM IAA in UA	
Kanamyzin-Stocklösung	50 mg/ml	Substanz in ddH_2O gelöst.
LB-Medium	10 g/l Bacto-Trypton 5 g/l Bacto-Hefe Extrakt 10 g/l NaCl	Substanzen in 1 l ddH_2O lösen und auf pH 7,5 einstellen. Anschließend autoklavieren.
Lysispuffer 1 für Zellen	50 mM Tris 150 mM NaCl 1 mM EDTA 1 % Triton X100 1 µg/ml Leupeptin 1 µg/ml Pepstatin Phosphataseinhibitoren	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,4 einstellen. Protease- und Phosphataseinhibitoren frisch zusetzen.
Lysispuffer 2 für Zellen	50 mM Tris 150 mM NaCl 1 mM EDTA 7,5 % Glyzerol 1 µg/ml Leupeptin 1 µg/ml Pepstatin Phosphataseinhibitoren	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 7,4 einstellen.
Mowiol	Lösung 1: 20 mg Mowiol 80 ml 1x PBS pH 7,3 40 ml Glyzerin (87 %) 2 mM NaN_3 Lösung 2: 2,5 mg n-Propylgallate 50 ml 1x PBS pH 7,3 50 ml Glyzerin	Gebrauchslösung: 7,5 ml Lsg.1 + 2,5 ml Lsg.2 Lagerung bei 4°C

Natriumdodecylsulfat-Lösung (10 %)	10 g SDS	Substanz in 100 ml ddH_2O bei 65°C lösen und sterilfiltrieren.
Paraformaldehyd (PFA)/ Sukrose	8 % PFA 10 % Sukrose	PFA in ddH_2O lösen und unter Zugabe von NaOH lösen. Sucrose und 10x PBS zugeben und auf das gewünschte Volumen mit ddH_2O auffüllen.
Ponceau S-Lösung	0,2 % Ponceau 3 % TCA	
Regenerationspuffer Strep-tag	1 mM HABA 100 mM Tris-HCl 150 mM NaCl 1 mM EDTA	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 8,0 einstellen.
Sammelgelpuffer	0,5 M Tris	Substanz in ddH_2O lösen und den pH auf 6,8 einstellen.
Trenngelpuffer SDS-PAGE	1,5 M Tris-HCl	Substanz in ddH_2O lösen und auf pH 8,8 einstellen.
Tris gepufferte Saline / Tween (TBS/T)	1xTBS 0,5 % Tween 20	10x TBS 1:10 mit ddH_2O verdünnen. Zugabe von 0,05 % Tween20.
UA-Lösung	8 M Urea 100 mM Tris-HCl	Substanzen in ddH2O lösen und auf pH 8,5 einstellen.
Waschpuffer Strep-tag	100 mM Tris-HCl 150 mM NaCl 1 mM EDTA	Substanzen in ddH_2O lösen und auf pH 8,0 einstellen.

2.4 Chemisch kompetente Zellen

Stamm	Genotyp
XL-1 Blue^r	supE44 hsdR17 recA1 endA1 gyrA6 thi relA1 lacF'[proAB$^+$, lacI^q lacZΔM15 Tn10(tet^r)]

Bullock et al., Bio Techniques, 5, 376, 1987

2.5 Zellkulturmedien

DMEM: 10 % FCS
2 mM Glutamax™
100 IU Penicillin (Gibco BRL)
100 µg Streptomyzin (Gibco BRL)

2.6 Zelllinien

Im Rahmen dieser Arbeit wurden folgende Zelllinien verwendet:

Bezeichnung	Typ
HEK 293-Zellen	Humane embryonale Nierenzellen
HeLa-Zellen	Humane Zervix-Karzinom-Zelllinie

2.7 Primer

Interne Nummer	Name	Sequenz 5' - 3'	Beschreibung
1298	huGAPDH sense	gatgacatcaagaaggtg gtga	Primer für die quantitative PCR
1299	huGAPDH antisense	ctgtagccaaattcgttgtc at	Primer für die quantitative PCR
2841	HDGF sense	gacctgtttgcgaagat	Primer für die quantitative PCR
2842	HDGF antisense	gcttgccaaacttctccttg	Primer für die quantitative PCR
2988	Bcl-2 mRNA sense	gaggattgtggccttctttg	Primer für die quantitative PCR

2989	Bcl-2 mRNA antisense	agcctgcagctttgttccat	Primer für die quantitative PCR
SF-54	Bcl-2 cds sense	gcaagcttctgggaaggatggcgca	Primer für die Klonierung der Bcl-2-Deletions-konstrukte Schnittstelle HindIII
SF-55	Bcl-2 cds antisense	gcgaattctgttgacttcacttgtggccc	Primer für die Klonierung der Bcl-2-Deletions-konstrukte Schnittstelle EcoRI
SF-57	Bcl-2 ARE1 antisense	gcgaattcgatggtgatccggccaacaac	Primer für die Klonierung der Bcl-2-Deletions-konstrukte Schnittstelle EcoRI
SF-91	Bcl-2 3'UTR antisense	gcgcggccgcccaggatgtacagataacccccat	Primer für die Klonierung der Bcl-2-Deletions-konstrukte Schnittstelle NotI
SF-92	Bcl-2 5'UTR sense	gcaagcttgtaagctctggagagtgctgaagat	Primer für die Klonierung der Bcl-2-Deletions-konstrukte Schnittstelle HindIII

2.8 Plasmide

Die in dieser Arbeit verwendeten Plasmide sind im Folgenden aufgelistet und beschrieben:

Interne Nummer	Name	Beschreibung
P9	pCDNA3-Vektor	Klonierungsvektor für eukaryotische Expression, CMV Promoter, T7 und Sp6 Promotoren (Invitrogen)
SF-32	mHDGFStrep-tag_pCDNA3	Expression eines HDGF Fusionsproteins mit C-terminalem Strep-tag
SF-48	Strep-tag_pCDNA3	Kontrollkonstrukt
SF-274	mHDGF_pCDNA3	Konstrukt zur Überexpression von murinem HDGF Protein
SF-443	mHDGFNLS2_pCDNA3	Überexpression von murinem HDGF Isoform 1 mit Mutation in der NLS 2
SF-606	Bcl2Volllängenklon_pCMVSport6	Expression von humaner Bcl-2 cds mit 5’ und 3’UTR
SF-626	Bcl-2cds_pCDNA3	Expression der kodierenden Sequenz (cds) von humanem Bcl-2
SF-639	5’UTR-Bcl-2cds_pCDNA3	Expression der 5’UTR mit der cds von humanem Bcl-2
SF-640	Bcl-2cds-3’UTR_pCDNA3	Expression der cds mit 3’UTR von humanem Bcl-2

SF-627	Bcl-2cds-ARE1_pCDNA3	Expression der cds mit dem ARE1 Element von humanem Bcl-2
SF-643	SEAPcds_5' und 3'UTR Bcl-2_pCDNA3	Expression der cds von SEAP mit 3' und 5'UTR von Bcl-2

2.9 Antikörper

Folgende Antikörper wurden zur Detektion von Proteinen in der Immunzytochemie und für Western Blot Analysen verwendet:

Name	**Hersteller**	**Konzentration**
Kaninchen-anti-HDGF (Maus) affinitätsgereinigt aus polyklonalem Antiserum, immunisiert mit rekombinantem murinen HDGF-GST Protein	beschrieben in Abouzied et al., 2004 Pineda	Western Blot WB: 1:2.000 Immunzytochemie IZ: 1:100
Kaninchen-anti-HDGF (Mensch) affinitätsgereinigt aus polyklonalem Antiserum, immunisiert mit rekombinantem humanem HDGF-GST Protein	Pineda	WB: 1:2.000 IZ: 1:100
StrepTactin-Peroxidase	IBA Göttingen	WB: 1:10.000
Kaninchen-anti-Bcl-2	Epitomics	WB: 1:2.000
Maus-anti-Nukleolin	Santa Cruz	WB: 1:5.000 IZ: 1:800

Polyklonaler-Ziege-anti Ku86 (Dankend erhalten von S.Medunjanin, Uni Magdeburg)	Santa Cruz	WB: 1:1.000
Ziege-anti-Kaninchen Peroxidase gekoppelt	Dianova	WB: 1:10.000
Ziege-anti-Maus Peroxidase gekoppelt	Dianova	WB: 1:10.000
Ziege-anti-Kaninchen Cy3 gekoppelt	Dianova	IZ: 1:400
Ziege-anti-Maus Alexa488 gekoppelt	Molecular Probes	IZ: 1:400

2.10 Größenstandards

Folgende Größenstandards wurden für DNA-Analysen verwendet:

Name	Größen [bp]	Hersteller
λEcoRI/HindIII	564, 831, 947, 1375, 1584, 1904, 2027, 4286, 4973, 5148, 21226	Fermentas
λHindIII	564, 2027, 2322, 4361, 6557, 9416, 23130	Fermentas
100bpLadderplus	100, 200, 300, 400, 500, 600, 700, 800, 900, 1000, 1200, 1500, 2000, 3000	Fermentas

Folgende Größenstandards wurden für Protein-Analysen verwendet:

Name	Größen [kDa]	Hersteller
PageRuler™ Prestained Protein Ladder	10, 15, 25, 35, 40, 55, 70, 100, 130, 170	Fermentas

2.11 Geräte

Gerät	Bezeichnung	Hersteller
AKTA Purifier		Amersham
Analysenwaage	CP 124S-OCE	Satorius
Digitales pH-Meter	761 Calimatic	Knick
Eismaschine		Ziegra
Elektrophoresekammer groß	Proteax Xi	BioRad
Elektrophoresekammer klein	Mini Protean 3	BioRad
ESI-Ionenfalle	HCT ultra	Bruker Daltonics
Filmentwickler	Curix 60	Agfa
Fluoreszenzmikroskop	Axiovert	Zeiss
Gefrierschrank -20 °C		Liebherr
Gelkammer		Eigenanfertigung
Heizblock	Dry Block Heater	STAR LAB
iCycler		BioRad
Kühlschrank		AEG
Kühlschrank Zellkultur		AEG
Kühlzentrifuge groß	Rotor F34-6-38 Rotor A-4-62	Eppendorf
Kühlzentrifuge klein	Z233 MK	Hermle
Lichtmikroskop	TELAVAL 31	Zeiss
LTQ-Orbitrap	Velos	Thermo Fischer
Magnetrührer		Janke und Krunkel IKA
Mikroplattenleser	GENios	TECAN
Mikrowelle		Sharp
nano-LC	UltiMate 3000	Dionex
PCR-Cycler	T3 Thermocycler	Biometra
Semi Dry Western Blotter	Transblot SD Cell	BioRad
Speed Vac	RVC 2-18	Christ

Spektralphotometer	DU 640	Beckmann
Sterilbank Zellkultur		BDK
Stromversorgung	PowerPac 200	BioRad
Stromversorgung	Power Supply S305	Life Technologies
Tischzentrifuge	54 15 D	Eppendorf
Über-Kopf-Schüttler	Rotamix RM1	Elmi
Ultraschallbad	Bransonic	Branson
Vortexer		Heidolph
Waage	PC 4400	Mettler
Wasseraufbereitungsanlage	Milli-Q Plus	Millipore
Wasserbad Zellkultur	1083	GFL
Wassermantel Inkubator		Forma Scientific

3 Methoden

3.1 Molekularbiologische Techniken

3.1.1 Allgemeines

Soweit nicht anders erwähnt, wurden die Standardmethoden nach Sambrook et al. (1989) oder nach Angaben des Herstellers durchgeführt.

3.1.2 Isolierung von Plasmid-DNA

Die Isolierung von kleinen DNA-Mengen wurde mit dem Kit von Fermentas, die Isolierung größerer Mengen mit dem Qiagen Midiprep Kit® durchgeführt. Die Durchführung erfolgte dabei nach den Angaben des Herstellers.

3.1.3 Präparation von RNA aus Zellen

Zur Isolierung von RNA aus Zellen wurde Trizol™ verwendet. Dabei handelt es sich um ein homogenes Gemisch bestehend aus Phenol und Guanidiniumthiocyanat [51], welches die Degradation der RNA während der Zelllyse verhindert.

Die Zellen wurden geerntet und pelletiert. Die Zellpellets wurden anschließend in 1 ml Trizol™ pro Pellet einer 10 cm Kulturschale resuspendiert und mit blauen Pipettenspitzen homogenisiert. Anschließend wurde die Suspension für 5 min bei Raumtemperatur inkubiert. Um eine Abtrennung der RNA von anderen Zellbestandteilen zu erzielen, wurden 0,2 ml Chloroform zugegeben. Nach guter Durchmischung und weiterer Inkubation für 2 min, wurden die Proben bei 12.000xg für 15 min bei 4 °C zentrifugiert. Die obere wässrige Phase wurde abgenommen und die RNA durch Zugabe von 0,5 ml Isopropanol pro verwendetem ml Trizol™ in einem neuen Reagiergefäss gefällt. Nach Inkubation für 10 min bei Raumtemperatur erfolgte ein weiterer

Zentrifugationsschritt bei 12.000xg für 10 min bei 4 °C. Die obere Phase wurde verworfen und das RNA-Pellet anschließend mit 1 ml 75 % (v/v) Ethanol unter vorsichtigem Vortexen gewaschen. Anschließend erfolgte ein finaler Zentrifugationsschritt bei 7.500xg für 5 min bei 4 °C. Das RNA-Pellet wurde für 5 min getrocknet und in einem adäquaten Volumen (10-100 µl) DEPC-H_2O resuspendiert und 5 min bei 55 °C vollständig gelöst. Die Konzentrations- und Reinheitsbestimmung erfolgte mittels Photometer bei 260 bzw. 280 nm sowie per RNA-Gelelektrophorese. Die Lagerung der RNA erfolgte für kurze Zeit bei -20 °C, für eine längerfristige Aufbewahrung bei -80 °C.

3.1.4 Konzentrationsbestimmung von Nukleinsäuren

Die photometrische Messung von Nukleinsäuren erfolgte in Lösung bei 260 und 280 nm, wobei die Extinktion bei 260 nm ein Maß für die DNA- bzw. RNA-Menge, der Quotient aus 260 und 280 nm ein Maß für die Reinheit der Probe darstellt. Der Wert sollte bei einer kontaminationsfreien Probe zwischen 1,7 und 2,0 liegen. Die Grundlage zur Bestimmung der Konzentration von DNA und RNA stellt das Lambert-Beersche Gesetz dar:

$A = \varepsilon \cdot c \cdot l$

A = Absorbtion

ε = Absorbtionskoeffizient

c = Konzentration der Probe

l = Schichtdicke der Küvette [cm]

Dabei entspricht eine Absorbtionseinheit bei 260 nm einer Konzentration von 50 µg/ml doppelsträngiger bzw. 40 µg/ml einzelsträngiger DNA oder RNA. Die Vermessung von RNA und DNA-Proben erfolgte mit dem NanoDrop 2000 von peQLab.

3.1.5 Saure Ethanolfällung

Nukleinsäuren können durch saure Ethanolfällung aus einer Lösung präzipitiert werden. Zur Fällung wurden 1/10 des Probenvolumens einer 3 M Natriumacetat-Lösung pH 4,6 sowie das 2,5 fache Probenvolumen 97 %iger (v/v) Ethanol zugegeben. Der Ansatz wurde zunächst gevortext und anschließend für 15 min auf Eis inkubiert. Die gefällte DNA wurde bei 18.600xg für 15 min bei 4 °C pelletiert. Der Überstand wurde verworfen und das Pellet mit frisch angesetztem 70 %igem Ethanol (v/v) gewaschen. Darauf folgte ein letzter Zentrifugationsschritt für 5 min bei 18.600xg. Der Überstand wurde erneut verworfen, das Pellet für 5 min getrocknet und anschließend in einem adäquaten Volumen ddH_2O (10-50 µl) resuspendiert.

3.1.6 Spaltung von Plasmid-DNA

Die Spaltung von Plasmiden erfolgt mittels Restriktionsendonukleasen, welche spezifische Basensequenzen, in der Regel Palindrome von 4-8 Basenpaaren, erkennen und an diesen die Phosphodiesterbindungen der beiden DNA-Stränge spalten. Die Aktivität der Restriktionsendonukleasen wird in Units (U) angegeben, wobei eine Unit der Menge an Restriktionsenzym entspricht, die benötigt wird um 1 µg DNA des Bakteriophagen lamda in einer Stunde zu spalten. Für die Spaltung wurden 1 µg DNA und 10 Units des Restriktionsenzyms bei vorgegebener Temperatur verwendet. Die Spaltung erfolgte in der Regel innerhalb einer Stunde. Um die Vollständigkeit der Spaltung sowie die Aufreinigung der gewünschten DNA-Fragmente zu überprüfen, erfolgte eine anschließende Analyse über ein Agarosegel.

3.1.7 Auftrennung von DNA in Agarosegelen

DNA- bzw. RNA-Moleküle lassen sich aufgrund der negativen Ladungen ihrer Phosphatgruppen im Gleichspannungsfeld auftrennen. Bei der analytischen oder präparativen Agarose-Gelelektrophorese wandert die elektrisch geladene

DNA bzw. RNA durch ein komplexes Polymer aus Agarose und kann so der Größe nach aufgetrennt werden. Die Wanderungsgeschwindigkeit der DNA wird dabei durch das Molekulargewicht, die Konformation, die Basenzusammensetzung sowie durch die angelegte Spannung beeinflusst. Die Konzentration der Agarose wird durch die Größe der aufzutrennenden Fragmente bestimmt (0,8 – 2 %). Mit Hilfe von Ethidiumbromid, welches in die DNA interkaliert, kann unter UV-Licht bis zu 1 ng DNA nachgewiesen werden.

Die gewünschte Menge Agarose wird in dem entsprechenden Volumen 1x TAE-Puffer unter Erhitzen gelöst. Nach Abkühlen der Lösung auf 60 °C wird Ethidiumbromid (Endkonzentration 0,7 µg/ml) zugesetzt. Die flüssige Agarose-Ethidiumbromid-Lösung wird in eine entsprechende Kammer gegossen und bei Raumtemperatur abgekühlt. Das erstarrte Agarosegel wird in eine Elektrophoresekammer überführt und die mit Ladepuffer versetzten DNA-Proben aufgetragen. Die Elektrophorese erfolgte bei einer angelegten Spannung von 3-4 V/cm.

3.1.8 Isolierung von DNA-Fragmenten aus Agarosegelen

Zur Isolierung von DNA-Fragmenten aus Agorosegelen wurde das QIAquick Gelextraction Kit® der Firma Qiagen verwendet. Das DNA-Fragment wird dabei mit einem sauberen Skalpell aus dem Agarosegel ausgeschnitten und in ein Reagiergefäss überführt. Die Aufreinigung erfolgte anschließend wie vom Hersteller angegeben.

3.1.9 Reverse Transkription

Bei der Reversen Transkription erfolgt das Umschreiben von mRNA in cDNA. Für diesen Reaktionsschritt wurde das QuantiTect® Reverse Transcriptase Kit der Firma Qiagen verwendet. Zunächst erfolgte die Entfernung von möglicher Kontamination der RNA durch genomische bzw. Plasmid-DNA.

Reaktionsansatz:

10 pg - 1 µg	RNA
2 µl	gDNA Wipeout Puffer (7x)
ad 14 µl	DEPC-H_2O

Der Ansatz wurde für 2 min bei 42 °C inkubiert und anschließend auf Eis abgekühlt. Zu diesen Proben wurden dann 6 µl einer Stammlösung zugegeben, die aus den folgenden Komponenten besteht:

4 µl	Quantiscript RT Puffer (5x)
1 µl	Quantiscript Reverse Transcriptase
1 µl	RT Primer Mix

Diese Ansätze wurden für 15 min bei 42 °C inkubiert und anschließend auf 95 °C für 3 min erhitzt, um die Reverse Transkriptase zu inaktivieren. Die so erzeugte cDNA wurde bis zur weiteren Analyse bei -20 °C gelagert.

3.1.10 Polymerase-Ketten-Reaktion

Die Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) dient der exponentiellen Amplifikation von definierten DNA-Fragmenten. Durch Verwendung spezifischer Oligonukleotide (Primer) können mit Hilfe einer thermostabilen DNA-Polymerase die gewünschten DNA-Fragmente amplifiziert werden.

Im Rahmen dieser Arbeit wurde sowohl die Pfu-Polymerase von Fermentas als auch das RedTaq Ready Mix Kit® von Sigma verwendet.

Die Temperatur für die Anlagerung der Primer ist abhängig von ihrer Schmelztemperatur und damit von Länge und Basenzusammensetzung und sollte zwischen 5-10 °C unterhalb der Schmelztemperatur liegen. Nach

Denaturierung (in der Regel bei 95 °C) der DNA und Anlagerung der Primer erfolgt die Verlängerungs-Phase, die in der Regel 25-35 mal durchgeführt wird und deren Dauer von der Grösse des zu amplifizierenden DNA-Fragmentes abhängig ist. Die Zeiten und die Temperaturen dieser Schritte können je nach Anwendung modifiziert werden, um optimale Bedingungen für die PCR zu erreichen.

Reaktionsansatz für die Pfu-Polymerase:

5 µl	Pfu-Polymerase Puffer + $MgSO_4$ (10 x)
je 1 µl	Primer 1 + 2 (10 pmol/µl)
5 µl	dNTP-Mix 2 mM
x µl	Template
1,25 U	Pfu DNA Polymerase
ad 50 µl	PCR-H_2O

Reaktionsansatz für den RedTaq Ready Mix:

10 µl	RedTaq Ready Mix
1 µl	Primer 1 (10 pmol/µl)
1 µl	Primer 2 (10 pmol/µl)
x µl	Template
ad 20 µl	PCR-H_2O

3.1.11 Ligation von DNA-Fragmenten

Durch Ligation kann die durch Restriktionsspaltung linearisierte Plasmid-DNA (Vektor) mit einem weiteren DNA-Fragment (Insert) verknüpft werden, wodurch rekombinante Plasmide entstehen. Diese Reaktion wird durch Ligasen katalysiert, welche für die Bildung von Phosphodiesterbindungen zwischen dem 5‘-Phosphatende des einen und der 3‘-Hydroxyl-Gruppe des anderen DNA-Moleküls verantwortlich sind. Die Bildung der Phosphodiesterbindungen erfolgt unter Hydrolyse von ATP. Die Ligation von zwei DNA-Molekülen kann sowohl bei überhängenden als auch bei nicht-überhängenden Enden erfolgen.

Für Ligationen im Rahmen dieser Arbeit wurde die T4 DNA-Ligase von Fermentas verwendet. Für einen Ligationsansatz wurden äquimolare Mengen an Vektor- und Insert-DNA eingesetzt, wobei die Menge des Inserts auf 20 ng Vektor bezogen wurde. Es wurde je eine Weiss-Einheit T4 DNA-Ligase zum Reaktionsansatz zugegeben. Die Inkubation erfolgte entweder für eine Stunde bei RT oder über Nacht bei 4 °C. Dieser Ansatz konnte anschließend für die Transformation in kompetente Bakterien verwendet werden.

3.1.12 Transformation von Plasmid-DNA in chemisch kompetente Bakterien

Unter Transformation versteht man einen Prozess, bei dem Plasmid-DNA von Bakterien aus einer Lösung aufgenommen wird. Plasmid-DNA muss im Gegensatz zu linearer DNA für die Replikation nicht in das Bakterienchromosom integrieren sondern kann als eigenständiges Plasmid verdoppelt und so von Zelle zu Zelle weitergegeben werden. Zur Selektion von erfolgreich transformierten Bakterien trägt das Plasmid ein Gen wodurch dem Bakterium eine Resistenz gegen ein bestimmtes Antibiotikum vermittelt wird. Die Durchführung erfolgte nach Sambrook (1989).

3.1.13 Zyklische Sequenzierung

Die Sequenzierungen wurden extern von der Firma GATC durchgeführt.

3.1.14 Quantitative RT-PCR

Die quantitative Real-time PCR wurde mit dem SYBR®Green Mix von Sigma durchgeführt. Dabei lagert sich der Fluoreszenzfarbstoff SYBR®Green an die doppelsträngige DNA an, so dass die Menge der amplifizierten DNA bestimmt werden kann.

Reaktionsansatz:

5 µl	cDNA (1:5 verdünnt)
1 µl	Primer sense (10 pmol)
1 µl	Primer antisense (10 pmol)
10 µl	SYBR Green
0.2 µl	Fluoreszein 2 µM
ad 20 µl	DEPC-H_2O

Die Real-time PCR wurde mit folgendem Programm im iCycler von BioRad durchgeführt:

Zyklus 1 (1x)	94 °C	2 min
Zyklus 2 (40x)	94 °C	15 s
	60 °C	1 min
Zyklus 3 (1x)	82 °C	30 s
Zyklus 4 (100x)	50 °C	10 s

Die Auswertung erfolgte nach der delta-delta Methode:

n-fache Expression = $2^{-\Delta\Delta Ct}$

3.2 Zellkultur

3.2.1 Kultivierung von Zellen

Alle Zellen wurden bei 37 °C und 5 % CO_2-Gehalt in einer wassergesättigten Atmosphäre in Zellkulturschalen kultiviert. Alle Arbeiten erfolgten unter sterilen Bedingungen unter Verwendung von ausschließlich hitzesterilisierten Materialien und Einmalplastik-Materialien.

3.2.2 Einfrieren und Auftauen von Zellen

Die Lagerung der Zellen erfolgte in flüssigem Stickstoff. Zum Einfrieren wurden die Zellen zunächst pelletiert, in einer entsprechenden Menge Einfriermedium aufgenommen und in Einfrierröhrchen überführt. Zum schonenden Durchfrieren wurden die Zellen bei -80 °C in Styropor gelagert. Nach 24-48 h wurden die Zellen dann in flüssigen Stickstoff überführt. Zum Auftauen wurden die Zellen aus dem Stickstoff entnommen, kurz in den Händen angetaut und anschließend im Wasserbad bei 37 °C erwärmt, bis noch ein kleiner Kern des Mediums gefroren war. Die Zellen wurden aus dem Einfrierröhrchen gespült, sedimentiert und das Zellpellet in frischem Medium resuspendiert. Die Zellen wurden anschließend auf die entsprechenden Zellkulturschalen ausgeteilt.

3.2.3 Teilen von Zellen

Das Medium wurde von den Zellen abgenommen und die Zellen anschließend einmal mit sterilem PBS gewaschen, um Reste des Mediums zu entfernen. Anschließend erfolgte die Ablösung der Zellen durch Zugabe einer adäquaten Menge an 0.25 %iger Trypsin-Lösung und 5 minütiger Inkubation der Zellen bei 37 °C. Der Ablöseprozess wurde unter dem Mikroskop kontrolliert, um eine zu lange Inkubation der Zellen mit Trypsin zu vermeiden. Die Zugabe von Kulturmedium führte aufgrund des enthaltenden FCS zum Stopp der Reaktion.

Die abgelösten Zellen wurden durch Zentrifugation (500xg; 5 min; RT) sedimentiert und in der entsprechenden Menge Medium (Gesamtvolumen 10 ml) resuspendiert. Die Zellen wurden anschließend je nach Zelltyp 1:5, 1:10 oder 1:20 in frischem Medium verdünnt.

3.2.4 Zählen von Zellen

Um eine definierte Zellanzahl zu ermitteln, wurden 10 µl einer Zellsuspension in eine Neubauer-Zählkammer pipettiert. Es wurden 2 x 16 Quadrate ausgezählt, die Anzahl durch 2 geteilt und mit 10 multipliziert. Daraus ergab sich die Zellzahl pro µl.

3.2.5 Transfektion von eukaryontischen Zellen

3.2.5.1 Kalziumphosphat-Kopräzipitation

Für die Transfektion wurden am Vortag $2x10^6$ HEK 293-Zellen pro 10 cm Schale ausgeteilt und über Nacht im Begasungsbrutschrank bei 37 °C inkubiert. Zur Erzeugung der Kalziumphosphat-Präzipitate wurden pro Ansatz 10 µg DNA mit 65 µl einer 2 M $CaCl_2$-Lösung gemischt und mit H_2O auf 500 µl aufgefüllt. Diese Lösung wurde tropfenweise unter ständigem Mischen in ein Polystyrolröhrchen überführt, in welches bereits 500 µl einer 2x HBS-Lösung vorgelegt worden waren. In der folgenden 30minütigen Inkubationszeit bildeten sich die gewünschten DNA-Kalziumphosphat-Präzipitate aus. Die Suspension wurde anschließend unter leichtem Schwenken der Zellkulturschale ins Medium getropft. Nach 16stündiger Inkubation wurden die DNA-Kalziumphosphat-Präzipitate durch Wechseln des Mediums entfernt. Je nach Analyse wurden die Zellen für weitere 24-72 h inkubiert.

3.2.5.2 Transfektion mit Turbofect ®

Die Transfektion von HeLa-Zellen wurde mit dem Turbofect Transfektionreagenz von Fermentas durchgeführt. Die Durchführung erfolgte gemäß dem Standardprotokoll des Herstellers.

3.3 Biochemische Arbeiten

3.3.1 Herstellung von Zelllysaten

Die Zellen wurden mit Hilfe eines Zellschabers abgeschabt und in einer adäquaten Menge 1x PBS aufgenommen und bei 1.200xg für 5 min bei 4 °C pelletiert. Die Zellen wurden dann je nach Analyse in 0,25-1 ml des entsprechenden Lysispuffers aufgenommen und zunächst für 30 min auf Eis inkubiert. Anschließend erfolgte zum vollständigen Aufschluss der Zellen eine Inkubation von 3 x 10 s im Ultraschallbad, wobei die Lysate zwischen jedem Schallen für 30 s auf Eis abgekühlt wurden, um eine zu starke Erwärmung zu verhindern. Die Entfernung des Zellmaterials erfolgte durch einen Zentrifugationsschritt bei 14.000xg für 30 min bei 4 °C. Der Überstand wurde dann in ein neues Reagiergefäß überführt und bei -20 °C gelagert.

3.3.2 Proteinbestimmung

Zur Bestimmung der Proteinkonzentrationen wurde das BioRad DC Assay System verwendet, welches auf der Lowry-Methode basiert. Bei jeder Messung wurde eine Standardgerade erstellt, bei der ausgehend von 20 mg/ml folgende Verdünnungen an BSA vermessen wurden: 4 mg/ml, 2 mg/ml, 1 mg/ml, 0,5 mg/ml, 0,25 mg/ml, 0,125 mg/ml sowie 0,0625 mg/ml. Zunächst wurden je 5 µl der Standards sowie 5 µl der Proben in die Vertiefungen einer Mikrotiterplatte pipettiert. Pro Milliliter der Lösung A wurden 20 µl der Lösung S zugegeben. Von dieser Lösung A‘ wurden dann 25 µl zu jeder Probe gegeben und mit 200 µl Lösung B in den Vertiefungen vermischt. Es folgte eine Inkubation von 10 min bei RT, bevor die Absorption der Proben bei einer

Wellenlänge von λ = 750 nm im Mikroplattenleser vermessen wurde. Alle Werte wurden als Dreifachwerte gemessen.

3.3.3 Behandlung von Zelllysaten mit RNAse A

Die Lysate wurden für die Untersuchung der RNA-Abhängigkeit der Proteinkomplexe vor der Aufreinigung mit RNAse A behandelt. Dafür wurden die Lysate mit 25 µg/ml RNAse A über Nacht bei 4 °C im Über-Kopf-Schüttler inkubiert.

3.3.4 SDS-PAGE

Zur Protein-Analyse wurde die diskontinuierliche SDS-PAGE nach Laemmli verwendet [52], bei der Proteine unabhängig von ihrer Eigenladung nach ihrem Molekulargewicht aufgetrennt werden. Dafür werden denaturierende Gele gegossen, wobei zwischen Sammel- und Trenngel unterschieden wird. Es wurden für die Analysen sowohl 10 %ige als auch 12,5 %ige SDS-Gele verwendet. Für kleine Gele betrug das Trenngelvolumen 5 ml, das des Sammelgels 1 ml. Bei großen Gelen wurden 30 ml Trenngel und 10 ml Sammelgel verwendet.

Die SDS-Gele setzten sich wie folgt zusammen:

Gelvolumen	**Sammelgel (5 %)** **1 ml**	**Trenngel (10 %)** **5 ml**
H_2O	0,604 ml	2,400 ml
40 % Acrylamid	0,125 ml	1,250 ml
Tris HCl pH 6,8	0,250 ml	-
Tris HCl pH 8,8	-	1,250 ml
10 % SDS	0,010 ml	0,050 ml
10 % APS	0,010 ml	0,050 ml
Temed	0,001 ml	0,010 ml

Die Proben wurden mit dem entsprechenden Volumen 4x Lämmli-Probenpuffer versetzt und für 5 min bei 95 °C erhitzt. Die Proben wurden zusammen mit einem Molekulargewichtsstandard in die Taschen des Sammelgels aufgetragen. Die Auftrennung der Proteine erfolgte bei kleinen Gelen bei einer Spannung zwischen 100-200 V. Die Elektrophorese großer Gele erfolgte über Nacht bei einer konstanten Stromstärke von 12 mA und 16 °C.

3.3.5 Blau-Native Gelelektrophorese (BN-PAGE)

Bei der Blau-Nativen Gelelektrophorese können Proteinkomplexe nativ elektrophoretisch aufgetrennt werden. Durch Zusatz von negativ geladenem Coomassie G in den Kathodenpuffer erhalten die Proteinkomplexe negative Ladungen und wandern zur Anode.

Ein Gradientengel für die Blau-Native Gelelektrophorese setzte sich wie folgt zusammen:

Gelvolumen	**Trenngel (4 %)** **9 ml**	**Trenngel (16,5 %)** **9 ml**
H_2O	5,228 ml	1,117 ml
40 % Acrylamid	0,730 ml	3,050 ml
3x Gelpuffer	3,000 ml	3,000 ml
Glycerol	-	1,800 ml
10 % APS	0,038 ml	0,030 ml
Temed	0,0038 ml	0,003 ml

Die Elektrophorese erfolgte unter Kühlung und bei einer konstanten Spannung von zunächst 100 V, bis die Proben das Trenngel erreichten. Anschließend konnte die Elektrophorese bei 300-600 V beendet werden.

3.3.6 Western Blot nach dem Semi-Dry Verfahren

Beim Western Blot erfolgt der Transfer von Proteinen von einem Gel auf eine Membran. Dies ermöglicht die Analyse spezifischer Proteine aus einem

Gemisch mittels entsprechender Antikörper. Sechs Lagen Whatman-Papier wurden mit Blotpuffer angefeuchtet und auf der Anode plaziert. Die angefeuchtete Membran und das Gel wurden anschließend möglichst blasenfrei aufgelegt. Es folgten die restlichen 6 Lagen Whatman-Papier. Anschließend wurde der Deckel (Kathode) aufgelegt und der Transfer der Proteine erfolgte bei einer konstanten Stromstärke von 0,8 mA pro Quadratzentimeter Gelfläche für 90 min. Anschließend wurde der Transfer durch Anfärben der Proteine auf der Membran mit Ponceau S-Lösung überprüft. Freie Bindungsstellen wurden durch Inkubation in 5 % Magermilch/TBS für 60 min unter Schütteln geblockt. Es erfolgte nun die Inkubation der Membran mit dem Primärantikörper, der in einer Lösung aus TBS/Tween-20 (TBS/T) und 1/10 Blocklösung verdünnt wurde. Die Inkubation erfolgte für 60 min bei Raumtemperatur unter Rotation. Im Anschluss wurde die Membran dreimal für 10 min mit TBS/T gewaschen. Die Inkubation mit dem Sekundärantikörper erfolgte wie für den Primärantikörper beschrieben. Es folgten drei weitere Waschschritte mit TBS/T für 10 min sowie ein abschließender Waschschritt mit TBS. Die Detektion des Signals erfolgte über das System der verstärkten Chemilumineszenz (ECL) und wurde nach den Angaben des Herstellers (Pierce) durchgeführt.

3.3.7 Coomassie Färbung von SDS-Gelen

Zur Visualisierung von Proteinen in SDS-Gelen können diese mit Coomassie angefärbt werden. Nach der Elektrophorese wurden die SDS-Gele zunächst in ddH_2O für 10 min gewaschen, bevor eine mindestens einstündige Inkubation mit der PAGE Blue-Lösung von Fermentas erfolgte. Zur vollständigen Entfärbung wurden die SDS-Gele anschließend mehrmals mit ddH_2O gewaschen.

3.3.8 Immunfluoreszenzfärbung von Proteinen in Zellen

Die Immunfluoreszenzfärbung ermöglicht die Analyse eines oder mehrerer

Proteine mit Hilfe von Antikörpern an fixierten Zellen. Dadurch ist nicht nur eine Analyse der Expression, sondern auch eine Aussage über die Lokalisierung der Proteine möglich. Für die Analyse wurden zunächst 30.000 Zellen pro Einsatz einer 24-Loch-Kulturschalenvertiefung auf Deckgläsern ausgeteilt. Die Zellen wurden nach 24 h mit Turbofect® wie in Absatz 3.2.5.2 beschrieben transfiziert. Die Zellen wurden dann nach weiteren 24 bzw. 48 h mit 500 µl 4 % methanolfreiem PFA oder 500 µl eiskaltem MeOH für 10 bzw. 5 min bei RT fixiert. Danach wurden die Deckgläser dreimal mit PBS gewaschen, worauf sich bei den mit PFA fixierten Zellen eine Permeabilisierung mit 0,2 % Triton X-100 für 2 min bei RT anschloss. Anschließend wurden unspezifische Bindungsstellen durch eine Inkubation mit 3 % BSA in PBS für 30 min blockiert. Die Inkubation mit dem Primärantikörper erfolgte durch Inkubation der Deckgläser auf einem 40 µl Tropfen der in 1 % BSA verdünnten Primärantikörperlösung. Die Inkubation erfolgte in einer feuchten Kammer für 1 h bei Raumtemperatur. Es folgte eine Waschreihe von dreimal TBS und anschließende Inkubation mit dem Sekundärantikörper sowie der DAPI-Gebrauchslösung (1 µg/ml). Die Inkubation erfolgte analog zum Primärantikörper und wurde durch eine Waschreihe von dreimal TBS, 30 s H_2O und abschließendem kurzem Eintauchen in absolutem Ethanol beendet. Die Deckgläser wurden für 30 min bei Raumtemperatur getrocknet, in 8 µl Mowiol Eindeckelmedium auf Objektträgern fixiert und bis zur mikroskopischen Analyse lichtgeschützt aufbewahrt.

3.3.9 Affinitäts-Aufreinigung von Strep-tag Fusionsproteinen

3.3.9.1 Aufreinigung über Strep-Tactin Macro Prep S-Säulen

Für die Aufreinigung der Fusionsproteine wurden folgende Puffer verwendet:

Puffer W	100 mM Tris-HCl pH 8,0 150 mM NaCl 1 mM EDTA
Puffer E	2,5 mM Biotin/Desthiobiotin 100 mM Tris-HCl pH 8,0 150 mM NaCl 1 mM EDTA

Um die in Zellen überexprimierten HDGF Strep-tag Fusionsproteine für weitere Analysen anzureichern, wurden verschiedene Strategien und StrepTactin-Matrices zur Aufreinigung der Fusionsproteine genutzt. Für die Aufreinigung wurde pro Ansatz Zellmaterial einer konfluenten 10 cm Schale verwendet.

Die Säulen (0,2 ml Säulenbett) wurden zunächst mit dem 2fachen Säulenvolumen Wasch-Puffer (Puffer W) äquilibriert. Anschließend wurde das Zelllysat auf die Säule gegeben. Nachdem das Zelllysat über Schwerkraft in das Säulenbett gelangt war, wurde die Säule mit 200 µl Puffer W gewaschen. Dieser Vorgang wurde vier weitere Male wiederholt. Anschließend erfolgte die Elution des Fusionsproteins in sechs Fraktionen. Dafür wurden jeweils 100 µl Elutions-Puffer mit 2,5 mM Desthiobiotin auf die Säule gegeben und die Eluat-Fraktionen in Reagiergefäßen gesammelt. Die Regeneration der Säulen erfolgte durch dreimaliges Waschen der Säule mit 1 ml Regenerations-Puffer (Puffer W mit 1 mM HABA (Hydroxy-azophenyl-benzoesäure)), wobei sich das Säulenbett von gelb nach rot färbte. Die Säulen wurden anschließend mit 2 ml Puffer W bei 4 °C gelagert.

3.3.10 Aufreinigung über Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen

Die Säulen wurden zunächst 2 x mit 500 µl Puffer W und Zentrifugation bei 700xg äquilibriert. Anschließend wurde das Zelllysat auf die Säule gegeben und bei 700xg für 1 min zentrifugiert. Dieser Schritt wurde mit dem Durchfluss noch einmal wiederholt. Die Säulen wurden dann insgesamt 4 x mit 100 µl Puffer W (siehe 3.3.9.1) und Zentrifugationsschritten bei 13.200xg gewaschen. Die Elution der Fusionsproteine erfolgte mit 50 µl einer 2,5 mM Biotin-Lösung (Puffer E) bei zunächst 700xg Zentrifugation für 1 min und abschließend 30 s bei 13.200xg.

3.3.11 Aufreinigung über Strep-Tactin Sepharose und MacroPrep Beads

Pro Ansatz wurden 30 µl Beads 50 % v/v verwendet. Die Beads wurden zusammen mit dem Lysat bei 4 °C für 2 h in einem Über-Kopf-Schüttler inkubiert. Anschließend wurde der Ansatz bei 3.000xg für 3 min bei 4 °C zentrifugiert. Der Überstand wurde verworfen und die Beads 4 x mit 500 µl Puffer W für 5 min gewaschen. Zwischen den Waschschritten erfolgten Zentrifugationen bei 3.000xg für jeweils 3 min. Nach dem letzten Waschschritt wurden die Fusionsproteine mit 80 µl 2,5 mM Biotin-Lösung (Puffer E) für 1 min unter Rotation inkubiert und anschließend für 1 min bei 13.200xg zentrifugiert. Dieser letzte Schritt wurde noch ein weiteres Mal wiederholt.

3.3.12 Größenausschlusschromatographie

Zur Analyse der Größe von Proteinkomplexen kann die auch oft als Gelfiltration bezeichnete Größenausschlusschromatographie verwendet werden. Aufgrund des Siebeffektes, der durch die Porengröße des Säulenmaterials vorgegeben wird, findet eine Auftrennung nach Größe statt. Kleine Moleküle können länger in den Poren verweilen und eluieren damit später als große Moleküle, die nicht oder nur kaum in die Poren eindringen können.

Für die Analyse der HDGF-Proteinkomplexe wurde pro Lauf 200 µl Zelllysat, was ungefähr einer Menge von 1,5 mg Gesamtprotein entsprach, auf eine Superose 6 HR 10/30-Säule aufgetragen. Folgende Parameter wurden für die Läufe eingestellt: Säulenvolumen (Vc) 24 ml; Flussrate 0,25 ml pro Minute; Fraktionen 0,5 ml. Um eine Aussage über die Größe der Proteinkomplexe treffen zu können, wurde zunächst eine Standard-Proteinmischung bestehend aus 5 mg/ml Thyroglobulin, 0,3 mg/ml Ferritin, 3 mg/ml Aldolase über die Säule aufgetrennt und die entsprechenden Elutions-Volumina (Ve) in ml bestimmt. Blue Dextran (1 mg/ml) wurde verwendet, um das Ausschlussvolumen (Vo) der Säule zu bestimmen.

3.4 Massenspektrometrische Analysen

3.4.1 Probenvorbereitung

3.4.1.1 Tryptische Direkt-Spaltung von Proteinen der Eluate

Die Eluate der HDGF Strep-tag Aufreinigungen wurden ohne vorherige Auftrennung im SDS-Gel mit Trypsin gespalten. Dafür wurden 2 µl der Eluate mit Ammoniumbicarbonat-Puffer (100 mM Ammoniumbicarbonat pH 8,5) auf ein Volumen von 20 µl gebracht und mit 50 ng Trypsin über Nacht bei 37 °C inkubiert. Die Proben wurden anschließend mit Heptafluor-Buttersäure angesäuert (Endkonzentration 0,1 %) und in ein Probengefäß für die Nano-LC überführt.

3.4.1.2 Tryptische Spaltung von Proteinen aus Gelstücken

Die im SDS-Gel aufgetrennten und mit Coomassie angefärbten Proteine können wie folgt der Spaltung mit Trypsin zugänglich gemacht werden:

Zunächst wurden die gewünschten Proteinbanden mit einem sterilen

Einmalskalpell aus dem SDS-Gel ausgeschnitten und in 1 x 1mm große Stücke zerteilt. Um die Gelstücke zu entfärben, wurden diese in ein Reagiergefäß überführt, mit 200 µl Entfärbe-Lösung (200 mM Ammoniumbicarbonat pH 8,2 / 40 % Acetonitril) bedeckt und für 30 min bei 37 °C inkubiert. Der Überstand wurde vorsichtig abgenommen und der Vorgang ein weiteres Mal wiederholt. Anschließend wurde den entfärbten Gelstücken in der Speed Vac® unter Vakuum und mäßiger Wärmezufuhr (ca. 50 °C) die Flüssigkeit entzogen. Die getrockneten Gelstücke wurden dann mit 20 µl Trypsin-Lösung (50 ng Trypsin in 100 mM Ammoniumbicarbonat pH 8,5) bedeckt. Nachdem die Gelstücke die Flüssigkeit aufgesogen hatten, wurde genau soviel der Ammoniumbicarbonat-Lösung zugegeben, bis die Gelstücke vollständig bedeckt waren. Die Spaltung erfolgte dann bei 37 °C über Nacht. Nach erfolgter Spaltung der Proteine mit Trypsin wurden die Proben bei 13.200xg für 1 min zentrifugiert und der Überstand in ein Probengefäß für die Nano-LC überführt. Um Trypsin zu inaktivieren und die Probe für die nachfolgende LC-Analyse vorzubereiten, wurden die Proben abschließend mit Heptafluor-Buttersäure angesäuert (Endkonzentration 0,1 %).

3.4.2 FASP-Methode

Folgende Puffer wurden für die FASP-Methode verwendet:

UA-Puffer	8 M Urea 100 mM Tris-HCl pH 8,5
IAA-Lösung	50 mM Iodacetamid in UA-Puffer
ABC-Lösung	50 mM NH_4HCO_3 pH 8,5

Bei der FASP-Methode (Filter-Aided Sample Preparation) [53] findet die gesamte Probenvorbereitung auf der Membran von Filtereinheiten statt. Diese Membran ist für intakte Proteine undurchlässig. Erst die nach enzymatischer Spaltung

entstandenen Peptide können die Membran passieren. Mit dieser Methode können auch solche Proben für die Massenspektrometrie vorbereitet werden, die hohe Mengen an Detergenzien enthalten (z.B. biologische Membranen oder ganze Proteome). Die Technik der Spaltung der Proteine in Filtereinheiten hat noch weitere Vorteile. Sie ermöglicht eine Spaltung von Proteinen ohne störende Komponenten wie Nukleinsäuren oder andere Zellbestandteile. Die Konzentration der Probe bleibt während der Aufarbeitung hoch und die Präzipitation von Proteinen wird verhindert. Gleichzeitig kann in einer einzigen Filtereinheit bis zu 200 µg Gesamtprotein bearbeitet werden.

50 µl der Eluate aus der Aufreinigung über Strep-Tactin MacroPrep Beads wurden mit einer Lösung aus 4 % SDS und 100 mM DTT in 100 mM Tris-HCl pH 7,6 in gleichem Verhältnis gemischt und für 3 min bei 95 °C inkubiert. Alle weiteren Schritte fanden bei Temperaturen über 15 °C statt, um die Präzipitation von SDS zu vermeiden. Die Probe wurde nun mit 200 µl UA-Lösung in der Filtereinheit gemischt und bei 14.000xg für 15 min zentrifugiert. Der Durchfluss wurde verworfen. Anschließend wurden 100 µl der IAA-Lösung zugegeben und zunächst für 1 min bei 600 rpm in einem Thermomixer und weitere 20 min ohne Bewegung inkubiert. Die Filtereinheiten wurden erneut 10 min bei 14.000xg zentrifugiert. Es erfolgte eine erneute Zugabe von 100 µl UA-Lösung und ein weiterer Zentrifugationsschritt bei 14.000xg für 15 min. Dieser Schritt wurde noch zwei weitere Male wiederholt. Im Anschluss wurden 100 µl der ABC-Lösung zugegeben und weitere 10 min bei 14.000xg zentrifugiert. Nun erfolgte die enzymatische Spaltung mit Trypsin auf der Membran der Filtereinheit. Dafür wurden 40 µl der ABC-Lösung mit 50 ng Trypsin zugegeben und für 1 min bei 600 rpm gemischt. Die Filtereinheiten wurden dann in einer feuchten Kammer über Nacht bei 37 °C inkubiert. Die Filtereinheiten wurden in neue Reagiergefäße überführt und die Peptide durch Zentrifugation bei 14.000xg für 10 min eluiert. Dieser Vorgang wurde mit weiteren 40 µl ABC-Lösung wiederholt. Die Peptidlösung wurde anschließend in der SpeedVac unter Vakuum eingedampft und mit 0,1 % Heptafluor-Buttersäure/H_2O aufgenommen.

3.4.3 Nano-LC

Die Peptide der tryptischen Spaltungen wurden vor der massenspektrometrischen Analyse über nano-Flüssigkeitschromatographie aufgetrennt. Dafür wurde das Ultimate 3000 LC-System (Dionex-LC Packings) verwendet. Die Proben wurden zunächst über die Ladepumpe (10 µl/min 0,1 % Heptafluor-Buttersäure) auf eine monolithische Vorsäule (PepSwift, 200 µm x 5 mm) geladen. Nach 5 min wurde die Stellung des Ventils so verändert, dass die Proben auf die analytische Trennsäule (PepSwift monolithische Kapillarsäule, 200 µm x 50 mm) mit einer Flussrate von 500 nl/min eluiert wurden. Als mobile Phase wurden Lösung A (0,1 % Ameisensäure in H_2O (v/v)) sowie Lösung B (0,1 % Ameisensäure in ACN (v/v)) verwendet. Die Trennung der Peptide wurde über folgenden Gradienten erzielt: 5-50 % Puffer B für 20 min, gefolgt von 50-90 % Puffer B für 1 min. Nach 5 min bei 90 % Puffer B wurde der Gradient auf 5 % Puffer B zurückgefahren. Die Darstellung des Säulenausflusses erfolgte mit Hilfe einer 3 nl UV-Flusszelle bei 214 nm.

3.4.4 MS2 Analyse ESI-Ionenfalle

Die massenspektrometrische Analyse erfolgte mit Hilfe von online ESI-MS2 in der HCTUltra Ionenfalle (Bruker Daltonics). Alle Messungen erfolgten dabei im positiven Ionen-Modus. Die Massenspektren wurden im erweiterten Standard-Modus zwischen 300 bis 2.000 m/z bei einer Rate von 8.100 m/z/s erzeugt. Die Fragmentierung der Peptide der MS-Spektren erfolgte mit Hilfe eines Kollisions-induzierten Zerfalls (CID) im Auto-MS2 Modus wobei die Vorläufer-Ionen nach folgenden Kriterien ausgesucht wurden: Anzahl der Vorläufer-Ionen = 5; minimale Ionen-Intensität = 10.000; Ausschluss von Ionen nach 2 Spektren; Aufhebung des Ausschlusses nach 1 min. Die Erhebung der MS2 Daten erfolgte im Ultrascan-Modus in einem Bereich von 50 – 3.000 m/z bei einer Scan-Geschwindigkeit von 26.000 m/z/s.

3.4.5 Daten-Analyse

Die Analyse der Rohdaten aus der Ionenfalle erfolgte mit dem DataAnalysis™ Programm Version 4.0. Alle MS2-Daten eines Vorläufer-Ions wurden durch die Auto MS2-Suchfunktion identifiziert und zusammengefasst. Diese Suche führte zur sogenannten Compound-Liste und wurde mit folgenden Parametern durchgeführt. Intensitätsgrenze = 10.000, maximale Anzahl der Compounds = 500, Retentionszeit = 0,4. Die identifizierten Compounds wurden nacheinander einer Dekonvolution unterzogen und für die weitere Analyse exportiert. Die exportierten Compounds wurden mit BioTools™ Version 3.1 gegen eine institutseigene SwissProt v51.6 Datenbank verglichen, wobei der Mascot 2.2.02 Algorithmus verwendet wurde. Bei der Datenbanksuche kamen folgende Parameter zum Einsatz: Enzym = Trypsin; nicht genutzte Schnittstellen = 1; Taxonomie = alle Spezies; variable Modifikationen = Oxidierung (M) und Carbamidomethylierung (C); Peptidtoleranz = 300 ppm; MS2-Toleranz = 1,1 Da; Signifikanzgrenze p = 0,05.

4 Ergebnisse

4.1 Untersuchungen zu HDGF-Proteinkomplexen

4.1.1 Untersuchung von HDGF-Proteinkomplexen mittels Größenausschlusschromatographie

Als Voraussetzung für die Analyse von HDGF-Proteinkomplexen und damit der Identifizierung von Interaktionspartnern sollte zunächst untersucht werden, ob HDGF in hochmolekularen Komplexen innerhalb der Zelle vorliegt. Dafür wurde eine Größenausschlusschromatographie mit einer Superose 6 HR10/30 (Superose 6)-Säule und Lysaten zwei verschiedener Zelltypen durchgeführt. Es wurde sowohl eine Tumor-Zelllinie (HeLa-Zellen) als auch eine humane Nicht-Tumor-Zelllinie (HEK 293-Zellen) untersucht. Um die Größe der Komplexe, welche HDGF enthalten, abschätzen zu können, wurde die Superose 6-Säule vor der Analyse der Zelllysate mit einer Mischung von Standard-Proteinen definierten Molekulargewichtes kalibriert. Dafür wurde ein Gemisch bestehend aus Thyroglobulin (669 kDa), Ferritin (440 kDa) und Aldolase (158 kDa) über die Säule aufgetrennt und die Elutionsvolumina (Ve) der Proteine bestimmt. Wie in Abbildung 4-1 A zu sehen ist, betrug das Elutionsvolumen von Thyroglobulin 13 ml, Ferritin eluierte bei 15 ml und Aldolase bei 16,25 ml. Anschließend wurde zunächst die Größenverteilung von endogenem HDGF in HeLa- und HEK 293-Zellen untersucht. Dafür wurden die Zelllysate über die Superose 6-Säule aufgetrennt und das Eluat in 0,5 ml Fraktionen gesammelt. Äquivalente Volumina der Fraktionen wurden im Western Blot untersucht. Wie in Abbildung 4-1 B zu sehen ist, konnte HDGF in HeLa-Zellen bereits in Fraktionen detektiert werden, die mit Molekulargewichten der Standardproteine von 669 und 440 kDa korrespondierten. In HEK 293-Zellen wurde HDGF ebenfalls in Fraktionen detektiert, die einem Molekulargewicht von 440 kDa entsprachen.

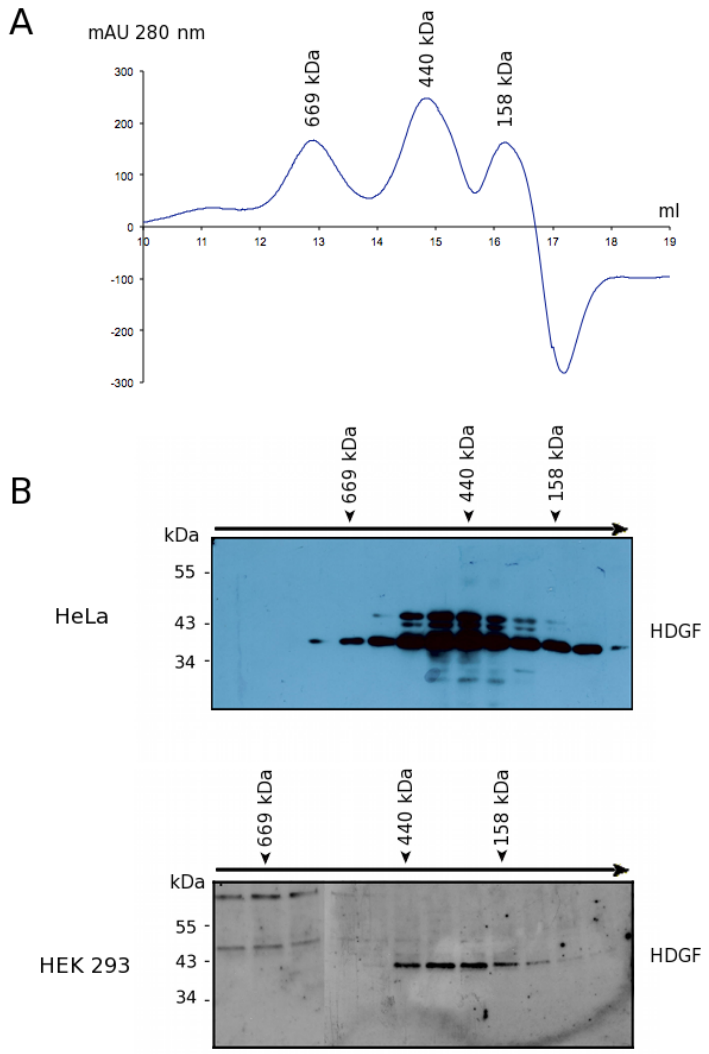


Abbildung 4-1: Größenbestimmung von endogenen HDGF-Proteinkomplexen.

(A) Um die Größe der HDGF-Proteinkomplexe abschätzen zu können, wurde zunächst ein Proteinstandard über die Superose 6 HR 10/30 Säule aufgetrennt. Dafür wurden Thyroglobulin (669 kDa), Ferritin (440 kDa) sowie Aldolase (158 kDa) aufgetrennt und die Elutionsvolumina bei 280 nm UV bestimmt. Die Elutionsvolumina der Proteinstandards betrugen 13 ml (Thyroglobulin), 15 ml (Ferritin) sowie 16,25 ml (Aldolase). (B) Nach der Kalibrierung der Säule erfolgte die Auftrennung der Zelllysate von HeLa und HEK 293 Zellen über die Superose 6-Säule. Die Eluate wurden in 0,5 ml Fraktionen gesammelt und äquivalente Mengen im Western Blot untersucht. Sowohl für HeLa- als auch für HEK 293-Zellen konnten im Western Blot hochmolekulare Komplexe bei 440 kDa und größer detektiert werden. Die Detektion von HDGF erfolgte mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper. Der Nachweis gebundener Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

Wie einleitend schon erwähnt, eignet sich der Strep-tag als Fusionstag besonders gut für die milde Aufreinigung von Proteinkomplexen. Es sollte daher zunächst untersucht werden, ob mit einem Strep-tag versehenes HDGF nach Transfektion ebenfalls in hochmolekularen Komplexen zu finden ist. Dafür wurden HeLa und HEK 293-Zellen mit einer cDNA, die für das Fusionsprotein bestehend aus der kodierenden Sequenz für HDGF sowie einem Strep-tag am C-Terminus kodierte, transfiziert und die Zelllysate anschließend über die Superose 6-Säule aufgetrennt. In Abbildung 4-2 B ist zu sehen, dass die HDGF-Fusionsproteine sowohl in HeLa als auch in HEK 293-Zellen in hochmolekularen Komplexen vorlagen. Die Bildung der Proteinkomplexe wurde durch das Hinzufügen eines Strep-tags an den C-Terminus von HDGF nicht verhindert. Diese Beobachtung war die Voraussetzung dafür, dass eine Anreicherung der HDGF-Proteinkomplexe über eine affinitätschromatographische Reinigung mit dem HDGF-Strep-tag Fusionsprotein über Strep-Tactin-gekoppelte Matrizes erfolgen konnte.

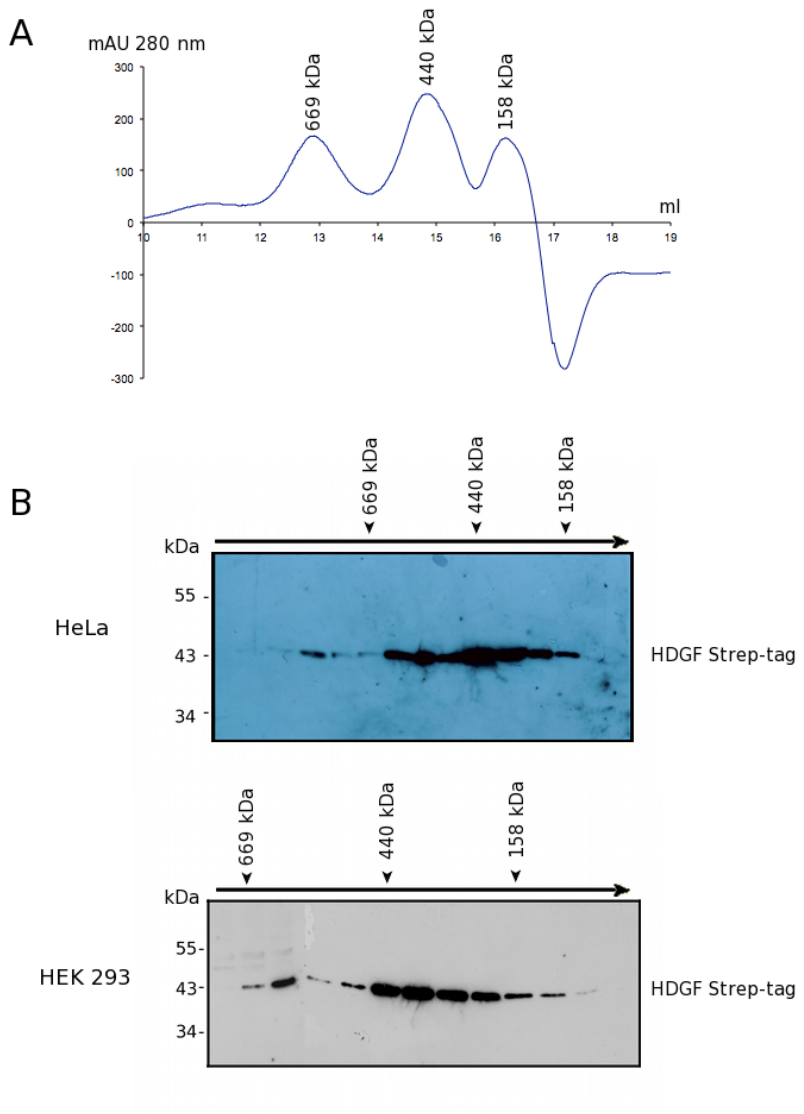


Abbildung 4-2: Größenbestimmung von HDGF Strep-tag Proteinkomplexen.

(A) Die Kalibrierung der Superose 6 HR/30 Säule erfolgte wie in Abbildung 4-1 beschrieben. (B) Mit HDGF Strep-tag transfizierte Zelllysate von HeLa- und HEK 293-Zellen wurden anschließend chromatographisch aufgetrennt und die Eluate in 0,5 ml Fraktionen gesammelt. Äquivalente Volumina der Fraktionen wurden im Western Blot untersucht. Es ist zu sehen, dass das HDGF-Fusionsprotein in hochmolekularen HDGF-Komplexen zwischen 440 und 669 kDa zu finden ist. Das Fusionsprotein wurde mit einem an Peroxidase gekoppelten StrepTactin detektiert. Der Nachweis des gebundenen StrepTactin erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.1.2 Untersuchung von HDGF-Proteinkomplexen mittels Blau-Nativer-Gelelektrophorese

Eine weitere Methode zum Nachweis nativer Proteinkomplexe in Zellen ist die Blau-Native-Gelelektrophorese (BN-PAGE). Dabei werden ohne Zusatz denaturierender Agenzien Proteinkomplexe nach Größe in einem Gradientengel aufgetrennt. Durch den Zusatz des anionischen Farbstoffs Coomassie Brilliant Blue G-250 erhalten die Komplexe negative Ladung und wandern zur Anode.

Wie in Abbildung 4-3 zu sehen ist, wurden 50 µg Gesamtprotein von HeLa- und HEK 293-Zelllysaten auf ein natives Gradientengel (3-16 %) aufgetragen. Zur Kontrolle wurde ein Teil der Lysate vor der Elektrophorese mit 0,5 % SDS behandelt. SDS führt durch Aufbrechen von Wasserstoffbrückenbindungen zum Verlust der Tertiär- und Sekundärstruktur von Proteinen, so dass mögliche Proteinkomplexe durch den denaturierenden Effekt von SDS in ihre einzelnen Komponenten getrennt werden. Anhand der SDS-behandelten Kontrollproben kann dann zwischen hochmolekularen Komplexen und niedermolekularen Verbindungen wie Dimeren oder Monomeren unterschieden werden. Nach erfolgter Elektrophorese wurden die Proteine auf eine PVDF-Membran transferiert und die HDGF-enthaltenden Proteinkomplexe mit einem HDGF-Antikörper detektiert. In den nativen Proben konnten bei beiden Zelllysaten hochmolekulare Komplexe detektiert werden, die bei den SDS-behandelten Proben in eine (HEK 293) bzw. zwei (HeLa) weitere Komponenten zerfielen. Aufgrund der detektierten Molekulargewichte bei 66 kDa und kleiner ist davon auszugehen, dass es sich dabei um Dimere und Monomere von HDGF handelte.

Abschließend lässt sich sagen, dass die Ergebnisse der Blau-Nativen-Gelelektrophorese die erzielten Ergebnisse der Größenausschlusschromatographie bestätigten.

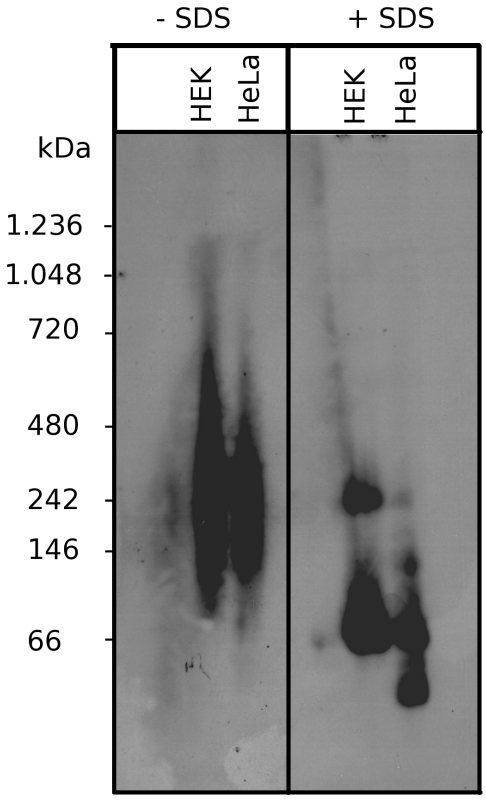


Abbildung 4-3: Blau-Native-Gelelektrophorese von HeLa und HEK 293-Zelllysaten.

Es wurden 50 µg Gesamtprotein der Zelllysate auf ein Blau-Natives-Gradientengel (3-16 %) aufgetragen. Zur Kontrolle wurde ein Teil der Lysate vor der elektrophoretischen Auftrennung mit 0,5 % SDS behandelt. Die Proteine wurden anschließend auf eine PVDF-Membran transferiert und HDGF Strep-tag mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper detektiert. Es ist zu sehen, dass bei den nativen Proben ein Signal im höhermolekularen Bereich für HDGF detektiert werden konnte. Die SDS-behandelten Proben zeigten dagegen zwei bzw. drei Signale für HDGF. Der Größe nach handelte es sich bei dem obersten Signal bei ca. 250 kDa um den Teil eines HDGF-Komplexes, welcher durch die SDS-Behandlung nicht denaturiert worden war. Das zweite Signal bei ungefähr 66 kDa entsprach dagegen der Dimer-Größe von HDGF. Das unterste Signal entsprach dem Monomer von HDGF. Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.2 Aufreinigung der HDGF-Proteinkomplexe über Strep-Tactin Matrizes

HDGF-Proteinkomplexe sollten über affinitätschromatographische Methoden aufgereinigt und so für weitere Analysen angereichert werden. Dafür wurden

HDGF Strep-tag Fusionsproteine in HEK 293-Zellen transient exprimiert und die Aufreinigung der Zelllysate über verschiedene Strep-Tactin-Matrizes optimiert.

Wie in Abbildung 4-4 A zu sehen ist, konnten HDGF Fusionsproteine, die über Strep-Tactin Sepharose-Beads gereinigt wurden, nur in geringen Mengen in der Silberfärbung detektiert werden. Gleichzeitig war der Hintergrund unspezifisch bindender Proteine so groß, dass eine Identifizierung von spezifischen Bindungspartnern nicht möglich war. Neben der Sepharose-Matrix wurde auch eine Polymethacrylat (MacroPrep)-Matrix getestet. Für eine Aufreinigung im Batch-Verfahren wurden zunächst Strep-Tactin MacroPrep Beads verwendet. Wie in Abbildung 4-4 B zu sehen ist, konnte sowohl die Menge an aufgereinigtem Protein als auch die Reinheit der Eluat-Fraktionen im Vergleich zur Sepharose-Matrix verbessert werden. Daher wurde nun im weiteren Verlauf der Arbeit die Aufreingung der Fusionsproteine über die MacroPrep Matrix optimiert. Für eine schnelle Aufreinigung im kleinen Maßstab wurden Strep-Tactin MacroPrep Säulen verwendet, die für eine Aufarbeitung mit Hilfe von Zentrifugationsschritten geeignet waren. Diese werden im Weiteren als MacroPrep Z-Säulen bezeichnet. In Abbildung 4-4 C kann gezeigt werden, dass die Menge des aufgereinigten Proteins im Vergleich zu den Beads nicht weiter gesteigert werden konnte, die Reinheit der Probe aber zunahm. Wurden größere Mengen an aufgereinigtem Protein benötigt, erfolgte die Aufreinigung über Strep-Tactin MacroPrep-Säulen mit einem größeren Säulenbettvolumen. Die Aufreinigung erfolgte hier über Schwerkraft, daher werden die Säulen im weiteren Verlauf als MacroPrep S-Säulen bezeichnet. Wie in Abbildung 4-4 D zu sehen ist, konnten über diese Säulen große Mengen an reinem Fusionsprotein erhalten werden.

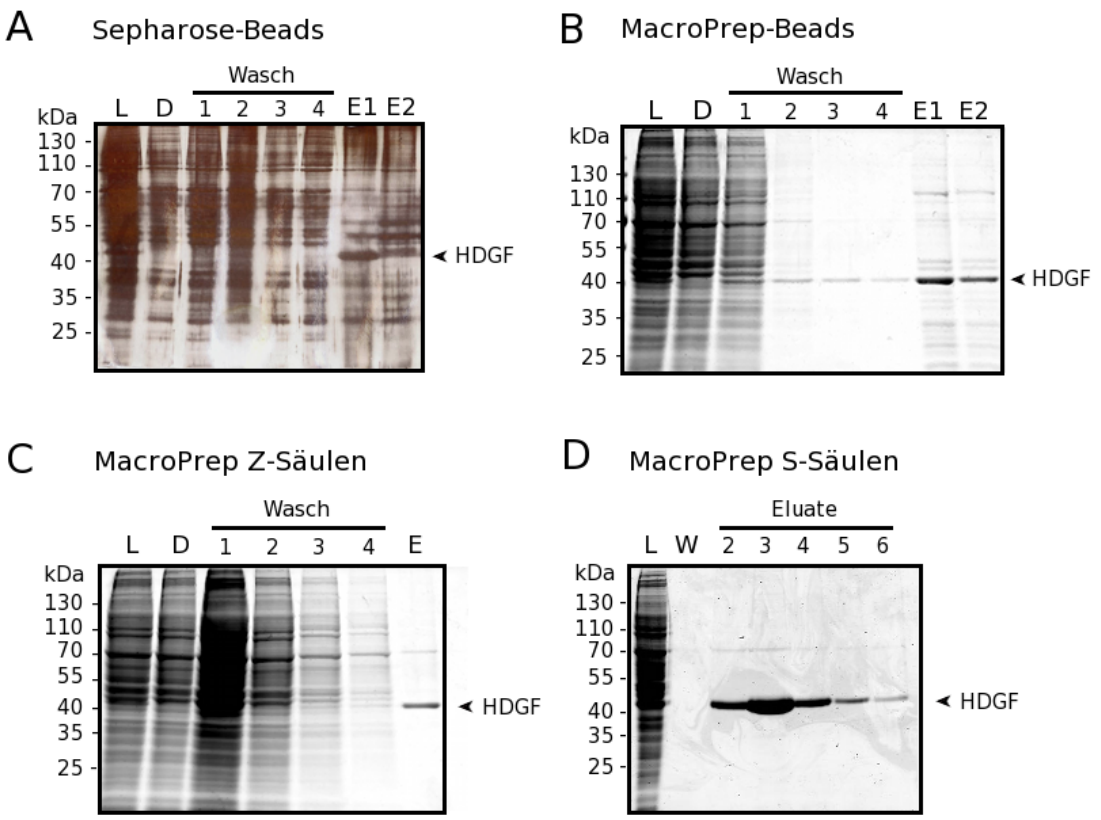


Abbildung 4-4 : Aufreinigung von HDGF Strep-tag Fusionsprotein über verschiedene Matrizes.

(A) Die Aufreinigung des HDGF Strep-tag Fusionsprotein erfolgte zunächst über eine Strep-Tactin Sepharose-Matrix. Im Silbergel sind prozentual gleiche Anteile an Lysat (L), Durchfluss-Fraktion (D), Wasch-Fraktion 1-4, sowie das Gesamt-Eluat (E1 u. E2) aufgetragen. Die Eluat-Fraktion zeigt eine Anreicherung von HDGF, gleichzeitig jedoch auch einen starken Hintergrund unspezifisch angereicherter Proteine. (B) Zur Verminderung der Bindung unspezifischer Proteine wurde das HDGF Strep-tag Protein im Weiteren über eine Strep-Tactin MacroPrep-Matrix gereinigt. Im Coomassie-Gel ist zu sehen, dass in den Eluat-Fraktionen (E1 u. E2) eine stärkere Anreicherung von HDGF mit gleichzeitiger Verringerung unspezifisch bindender Proteine erzielt werden konnte. (C) Zur Optimierung der Anreicherung des Fusionsproteins wurden Zentrifugationssäulen (Z-Säulen) verwendet. Im Coomasssie-Gel ist zu sehen, dass in der Eluat-Fraktion (E) ein ausreichend reines Fusionsprotein erhalten wurde. (D) Um größere Mengen an HDGF Fusionsprotein zu erhalten, wurden Schwerkraft-Säulen mit einem größeren Säulenbettvolumen (S-Säulen) für die Aufreinigung verwendet. Im Coomassie-Gel ist zu sehen, dass in den Eluat-Fraktionen 2, 3 und 4 der Hauptanteil an HDGF Fusionsprotein eluiert werden konnte. Diese Fraktionen wurden für weitere Analysen vereinigt. Pfeile in der Abbildung markieren die Proteinbande für HDGF.

Der spezifische Nachweis, dass es sich bei der aufgereinigten Proteinbande tatsächlich um HDGF handelte, erfolgte mittels Western Blot. In Abbildung 4-5 ist zu sehen, dass ein spezifisches Signal für HDGF sowohl im Ausgangs-Lysat als auch in der Eluat-Fraktion detektiert werden konnte.

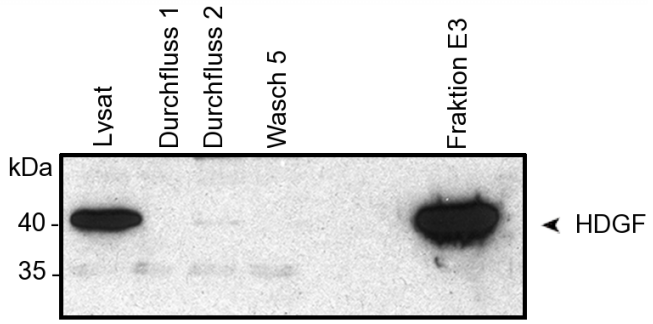


Abbildung 4-5: Verifizierung der Aufreinigung von HDGF Strep-tag mittels Western Blot.

Die Aufreinigung von HDGF Strep-tag wurde auch im Western Blot verifiziert. Dafür wurden prozentual gleiche Anteile von Lysat und Durchfluss, 1/100 der letzten Waschfraktion sowie die Hälfte der Eluat-Fraktion 3 (E3) auf ein SDS-Gel aufgetragen und die Proteine auf eine Nitrocellulose-Membran transferiert. Das Fusionsprotein wurde mit einem Kaninchen-anti-HDGF Antikörper detektiert. Ein Signal für HDGF konnte sowohl im Ausgangslysat als auch in der Eluat-Fraktion detektiert werden. Der Nachweis gebundener Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.3 Identifizierung der Interaktionspartner von HDGF

4.3.1 Massenspektrometrische Identifizierung von HDGF-Interaktionspartnern

4.3.1.1 Tryptische Spaltung von Proteinen aus SDS-PAGE Gelen und Analyse der resultierenden Peptide in der ESI-Ionenfalle

Die Aufreinigung des HDGF Strep-tag Fusionsproteins wurde nun dahingehend optimiert, dass in der Coomassie-Färbung spezifische koreinigende Proteine in den HDGF Eluaten im Vergleich zu Kontroll (Mock)-Eluaten detektiert werden konnten. Die Konzentration des Ausgangslysates war dabei ein wichtiger Parameter für die Menge und Reinheit des aufgereinigten Proteins. Die Probe

sollte so konzentriert wie möglich auf die Säule aufgegeben werden, wobei sich ein Volumen von 250 µl zur Lyse für eine konfluente 10 cm Zellkulturschale als optimal erwies. Ein weiterer Parameter für die Optimierung der Aufreinigung war die Anzahl der Waschschritte. Vier Waschschritte erwiesen sich als die beste Strategie, um unspezifische Bindungen zu reduzieren und zusätzliche spezifische Proteinbanden für HDGF zu erhalten. Des Weiteren erwies sich eine direkte Verarbeitung von Zelllysaten ohne zwischenzeitlichen Einfrierschritt als beste Voraussetzung für die Aufreinigung von HDGF-Proteinkomplexen.

Die Eluat-Fraktionen der Strep-Tactin-Aufreinigung für HDGF Strep-tag sowie eine Negativ-Kontrolle (Transfektion von Leervektor) wurden über ein SDS-Gel (10 %) aufgetrennt und die Proteine im SDS-Gel anschließend mit kolloidaler Coomassie-Lösung angefärbt. Die für das HDGF-Eluat spezifischen Proteinbanden wurden mit einem Einmalskalpell ausgeschnitten und wie in 3.4.1.2 beschrieben aufgearbeitet. Die unter Vakuum eingedampften Peptid-Proben wurden in 20 µl 0,1 % Heptafluor-Buttersäure/H_2O aufgenommen, wovon 1 µl zur Analyse in die Nano-LC eingespritzt wurde. Nach der Trennung über eine monolithische Säule wurden die Peptide in der ESI-Ionenfalle analysiert.

Für das HDGF-Eluat konnten insgesamt vier spezifische Proteine identifiziert werden (Abbildung 4-6). Dabei handelt es sich um die katalytische Untereinheit der DNA-abhängigen Proteinkinase (DNA-PKcs) bei 476 kDa, Ku86 bei 90 kDa, die Poly-(ADP-Ribose)Polymerase-1 (PARP-1) bei 120 kDa und Nukleolin bei 110 kDa. Keines dieser Proteine konnte hingegen im Kontroll-Eluat detektiert werden.

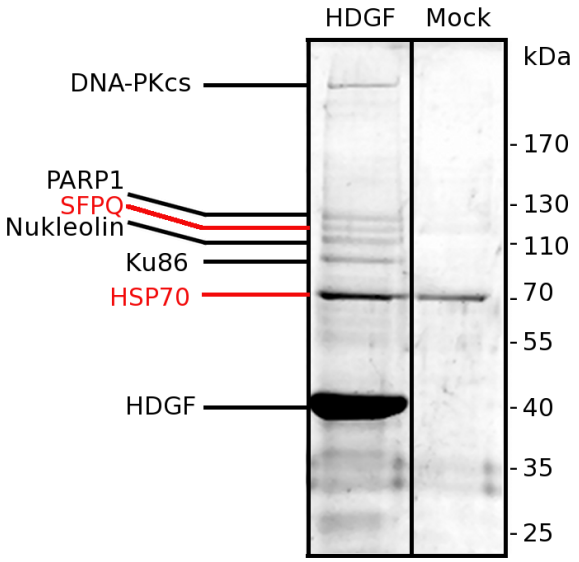


Abbildung 4-6: Ergebnisse der LC-MS Analyse tryptisch gespaltener Proteine aus Gelbanden von HDGF- und Kontroll-Eluat-Fraktionen.

Eluate für HDGF und Kontrolle (Mock) aus der optimierten Aufreinigung mit Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen wurden elektrophoretisch in einem SDS-Gel (10 %) aufgetrennt und die Proteine mit Coomassie Lösung angefärbt. Die Proteinbanden, die nicht in der Mock-Kontrolle zu detektieren waren, sowie eine Proteinbande, die in beiden Eluaten zu sehen war, wurden ausgeschnitten, die Proteine tryptisch gespalten und die Peptide anschließend in der NanoLC-ESI-Ionenfalle untersucht. Als spezifische Bindungspartner von HDGF konnten bei > 170 kDa die DNA-PKcs, bei 120 kDa PARP-1, bei 90 kDa Ku86 und bei 110 kDa Nukleolin ermittelt werden. HSP70 und SFPQ, in rot dargestellt, binden unspezifisch an die Säulen-Matrix und wurden in beiden Eluat-Fraktionen detektiert.

Um die Qualität der massenspektrometrischen Analyse zu beurteilen, wurden verschiedene Parameter herangezogen. Tabelle 4-1 zeigt in einer Übersicht einige Parameter der identifizierten Proteine. Neben physiko-chemischen Parametern wie dem Molekulargewicht (MG) und dem isoelektrischen Punkt (pI) ist die Anzahl der identifizierten Peptide und die ermittelte Sequenzabdeckung aufgelistet.

Tabelle 4-1: Liste der identifizierten Proteine aus der LC-MS Analyse.

Dargestellt sind der Proteinname, die UniProtKB/SwissProt ID, das Molekulargewicht (MG) in kDa, die Anzahl der ermittelten Peptide, die Sequenzabdeckung in % sowie der isoelektrische Punkt (pI).

Protein	SwissProt ID	MG (kDa)	Peptide	Sequenzabdeckung (%)	pI
Nukleolin	P19338	77	13	22	4.60
PARP-1	P09874	113	15	18	8.99
Ku86	P13010	83	14	26	5.55
DNA-PKcs	P78527	468	20	6	6.75

Die Anzahl der ermittelten Peptide ermöglicht eine Aussage zur Qualität und Spezifität des identifizierten Proteins. Über die Anzahl der identifizierten Aminosäuren in Bezug zur Primärsequenz des Proteins lässt sich dann die Sequenzabdeckung berechnen. Je höher die Sequenzabdeckung bzw. die Anzahl der identifizierten Peptide, desto spezifischer ist ein Treffer zu bewerten. Für Nukleolin konnten 13 Peptide in der MS/MS-Analyse detektiert werden, was einer Sequenzabdeckung von 22 % entsprach. 15 Peptide konnten für PARP-1 identifiziert werden, was eine Sequenzabdeckung von 18 % ergab. 26 % Sequenzabdeckung konnte mit 14 Peptiden für Ku86 erzielt werden. Die höchste Anzahl mit 20 Peptiden konnte für die DNA-PKcs detektiert werden, was bei einer Primärsequenz von 4128 Aminosäuren zu einer Sequenzabdeckung von 6 % führte. Aufgrund der ermittelten Anzahl von Peptiden der identifizierten Proteine kann von einer hohen Spezifität der ermittelten Protein-Treffer ausgegangen werden. Eine Auflistung der identifizierten Peptide ist im Anhang dargestellt (Punkt 8.1.1).

4.3.1.2 Tryptische Spaltung der Proteine aus den Eluat-Fraktionen und Analyse der resultierenden Peptide in der ESI-Ionenfalle

Um Interaktionspartner zu identifizieren, die möglicherweise nur zu geringen Anteilen mit HDGF interagieren und daher in der Coomassie-Färbung nicht sichtbar waren, wurden die Proteine in den Eluat-Fraktionen der Strep-Tactin-Aufreinigungen auch ohne vorherige Auftrennung im SDS-Gel direkt einer enzymatischen Spaltung mit Trypsin unterzogen. 2 µl der Eluat-Fraktionen wurden mit Trypsin-Lösung versetzt und wie in 3.4.1.1 beschrieben aufgearbeitet. Es wurden die resultierenden Peptide der HDGF-Eluate sowie der Kontroll-Eluate in der ESI-Ionenfalle untersucht, um bei der Auswertung zwischen spezifischen und unspezifischen Protein-Treffern unterscheiden zu können. In Tabelle 4-2 sind die für die HDGF-Probe spezifischen Proteintreffer dargestellt, die in den Kontroll-Eluaten (transfizierter Leervektor) nicht detektiert werden konnten. Die Proteine Nukleolin und Nukleophosmin wurden dabei als spezifische Proteine in beiden Proben detektiert. Darüberhinaus konnten noch zwei ribosomale Proteine sowie das heterogene nukleäre Ribonukleoprotein A1 identifiziert werden. Eine vollständige Liste der identifizierten Proteine aus drei unabhängigen Experimenten der HDGF- sowie der Kontroll-Eluate befindet sich im Anhang (Punkt 8.1.2).

Tabelle 4-2: Liste der identifizierten Proteine der tryptischen Spaltung von Eluaten zwei verschiedener Experimente ohne vorherige Auftrennung in SDS-PAGE.

Aufgelistet ist neben der Treffer-Nummer und dem Namen des identifizierten Proteins seine Swiss Prot ID, die Anzahl der gefundenen Peptide und das Molekulargewicht in Kilodalton (kDa).

Treffer Nr.	Protein	Swiss Prot ID	Peptide	MG (kDa)
2	Nukleolin	P19338	6	77
3	Heterogenes nukleäres Ribonukleoprotein A1	P09651	4	34
5	Nukleophosmin	P06748	2	33

Treffer Nr.	Protein	Swiss Prot ID	Peptide	MG (kDa)
2	Nukleolin	P19338	8	77
6	Nukleophosmin	P06748	4	33
7	40S ribosomales Protein S15	P62841	4	17
8	60S ribosomales Protein L18	Q07020	2	22

4.3.2 Verifizierung der mit Massenspektrometrie identifizierten Kandidaten mittels Western Blot

Die in der massenspektrometrischen Analyse identifizierten Interaktionspartner von HDGF sollten im Western Blot verifiziert werden. Dafür wurden die Ausgangs-Lysate sowie ein Zehntel der Eluat-Fraktionen von HDGF und der entsprechenden Kontrolle in einem SDS-Gel (10 %) aufgetrennt und anschließend auf eine Nitrozellulose-Membran transferiert. Die Analyse erfolgte mit einem käuflich erworbenen Nukleolin-Antikörper, sowie einem Ku86-Antikörper, der freundlicherweise von S. Medunjanin (Uni Magdeburg) zur Verfügung gestellt wurde. Abbildung 4-7 zeigt ein deutliches Signal sowohl für Nukleolin als auch für Ku86 in den HDGF-Eluaten, nicht aber in den Mock-transfizierten Kontrollen. Der Western Blot bestätigte daher die Ergebnisse der massenspektrometrischen Untersuchungen in Bezug auf Nukleolin und Ku86. Zu den weiteren identifizierten Proteinen, die ebenfalls als spezifische Bindungspartner in der Massenspektrometrie identifiziert wurden, stand leider kein Antikörper zur Verfügung.

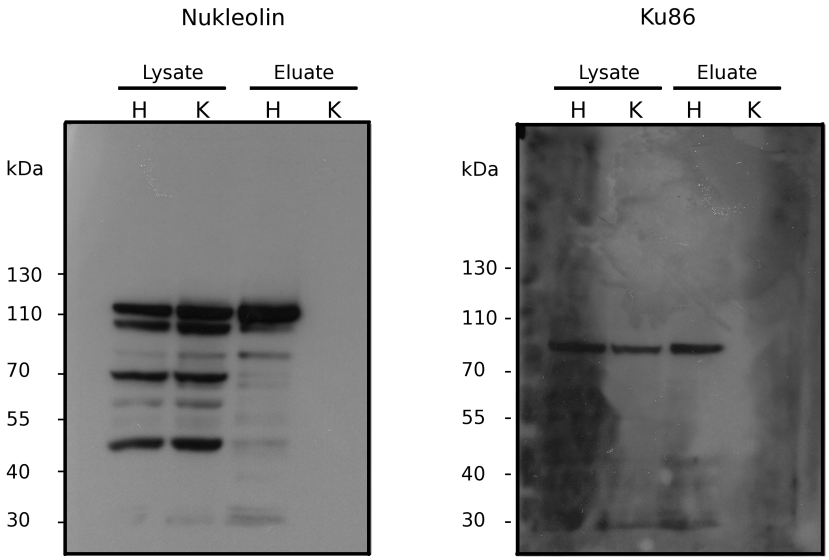


Abbildung 4-7: Identifizierung von Nukleolin und Ku86 im Western Blot.

Lysate und Eluate einer Aufreinigung mit Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen wurden sowohl für HDGF Strep-tag als auch für die Mock-Aufreinigung auf ein SDS-Gel (10 %) aufgetragen und im Western Blot untersucht. Nukleolin konnte bei 110 kDa und Ku86 bei 90 kDa in beiden Ausgangslysaten, jedoch nur in den HDGF-Eluat-Fraktionen detektiert werden. Zur Detektion von Nukleolin wurde ein monoklonaler Maus-anti-Nukleolin Antikörper, für Ku86 ein monoklonaler Ziege-anti-Ku86 Antikörper verwendet. HDGF Strep-tag wurde mit Peroxidase gekoppeltem StrepTactin detektiert. Der Nachweis der Antikörper und des StrepTactins erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.4 Untersuchungen zur Interaktion von HDGF und Nukleolin

4.4.1 Immunzytochemische Untersuchung der intrazellulären Lokalisation von HDGF und Nukleolin

Aufgrund der Ergebnisse aus der Massenspektrometrie und der Western Blot–Analyse sollte im weiteren Verlauf der Arbeit die Untersuchung der Interaktion von HDGF und Nukleolin im Vordergrund stehen. Dafür wurden zunächst immunzytochemische Untersuchungen zur Lokalisierung der beiden Proteine in der Zelle durchgeführt. HDGF wird aufgrund seiner zwei nukleären Lokalisationssequenzen überwiegend im Kern exprimiert [19]. Ein geringer Prozentsatz an Zellen zeigt jedoch neben der nukleären Lokalisation auch eine

Expression von HDGF im Zytoplasma der Zelle. Nukleolin ist ein Protein der Nukleoli und wird daher ebenfalls überwiegend im Kern exprimiert. Zu einem geringen Anteil kann Nukleolin jedoch zwischen Nukleus, Zytoplasma und der Zellmembran wechseln [54]. In Abbildung 4-8 ist das Ergebnis der immunzytochemischen Untersuchung zur Lokalisation von HDGF und Nukleolin in HeLa-Zellen gezeigt. Bei der Färbung von sowohl endogenem HDGF als auch Nukleolin war zu sehen, dass der Nukleolin-Antikörper eine charakteristische deutliche Färbung der Nukleoli sowie eine Färbung des Nukleus zeigte. Der HDGF-Antikörper zeigte ebenfalls eine deutliche Färbung des Zellkerns. Zu einem geringen Anteil konnten jedoch auch Zellen beobachtet werden, die sowohl HDGF als auch Nukleolin im Zytoplasma der Zelle exprimierten.

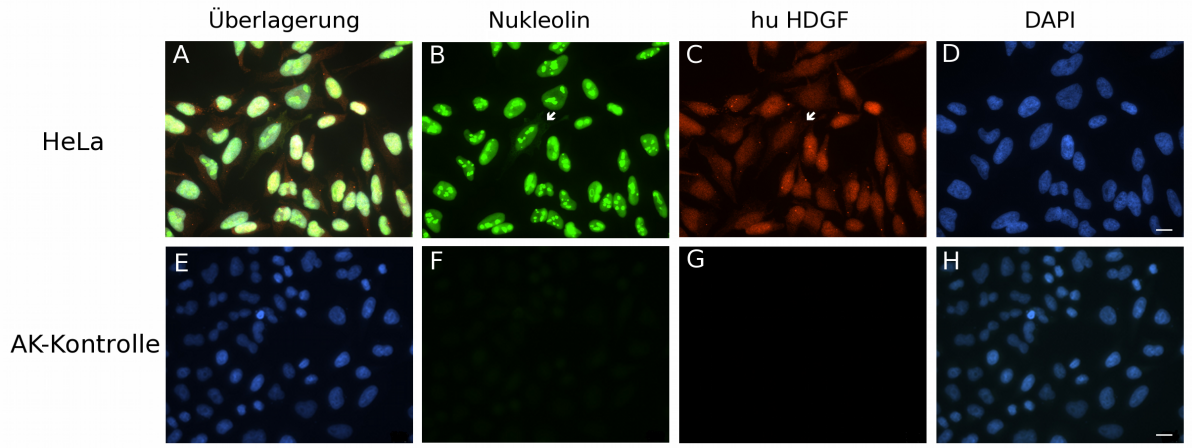


Abbildung 4-8: Immunzytochemische Untersuchung zur Lokalisation von endogenem HDGF und Nukleolin.

HeLa-Zellen wurden fixiert und HDGF mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper (A, C und G) und Nukleolin mit einem Maus-anti-Nukleolin Antikörper (A, B und F) detektiert. Es ist zu sehen, dass die endogene Expression von Nukleolin überwiegend in den Nukleoli und im Nukleus detektiert werden kann. Für HDGF kann ebenfalls eine vorwiegend nukleäre Expression gezeigt werden. In wenigen Zellen ist eine Expression von HDGF und Nukleolin gemeinsam im Zytoplasma zu erkennen (B und C, Pfeile in weiß). Die Maßstabsbalken entsprechen 10 µm.

HeLa-Zellen, die mit einer kodierenden Sequenz für murines HDGF transfiziert wurden, zeigten ebenfalls zu einem geringen Prozentsatz eine zytoplasmatische HDGF-Färbung (Abbildung 4-9). In diesen Zellen konnte beobachtet werden, dass die Nukleolin-Expression nicht nur auf den Zellkern beschränkt war, sondern darüberhinaus auch im Zytoplasma zu detektieren war.

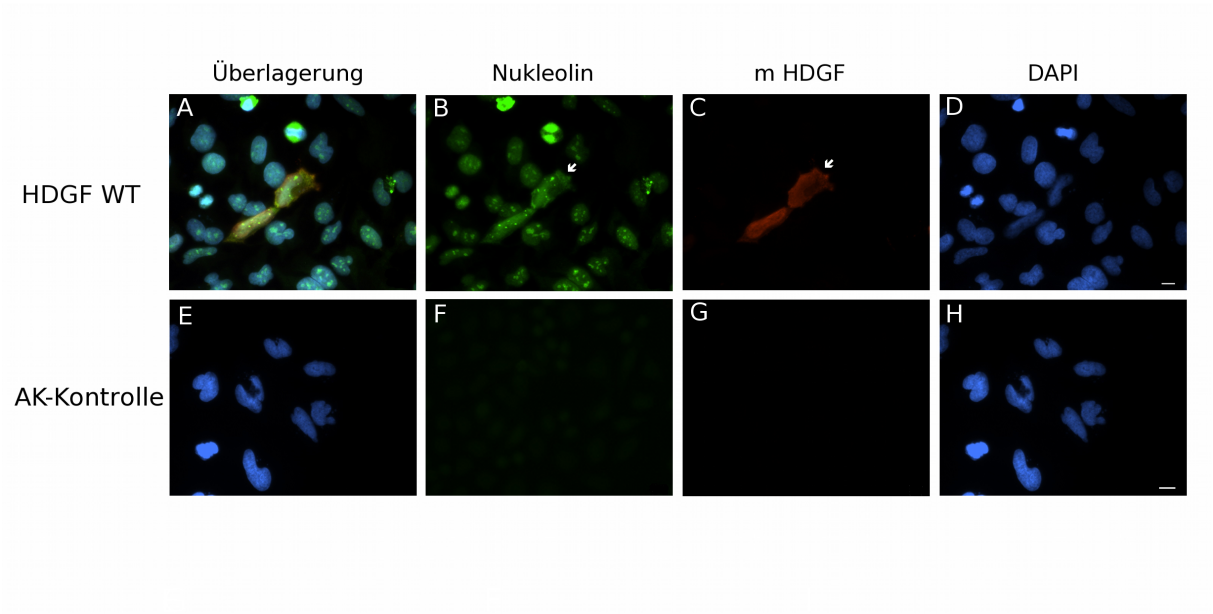


Abbildung 4-9: Immunzytochemische Untersuchung zur Lokalisation von transfiziertem HDGF und endogenem Nukleolin.

HeLa-Zellen wurden mit einer cDNA, die für murines HDGF kodiert, transfiziert und 48 h nach der Transfektion fixiert. Murines HDGF wurde mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper (A und C), der spezifisch nur das murine und damit das transfizierte HDGF erkennt, detektiert. Nukleolin wurde mit einem Maus-anti-Nukleolin Antikörper (A und B) detektiert. Es ist zu sehen, dass die endogene Expression von Nukleolin überwiegend in den Nukleoli und im Nukleus detektiert werden kann. Für das transfizierte murine HDGF kann sowohl eine nukleäre als auch eine zytoplasmatische Expression gezeigt werden. In Zellen, in denen HDGF im Zytoplasma lokalisiert war, konnte auch für Nukleolin eine Expression im Zytoplasma beobachtet werden (B und C, Pfeile in weiß). Die Maßstabsbalken entsprechen 10 µm.

Um diesen Effekt näher zu untersuchen und statistisch auswerten zu können, wurde eine Mutante der nukleären Lokalisations-Sequenz 2 (NLS 2) von HDGF in HeLa-Zellen exprimiert. Wie in Abbildung 4-10 zu sehen ist, wurde in diesen Zellen HDGF überwiegend im zytoplasmatischen Kompartiment exprimiert.

Damit korrelierend konnte eine ebenfalls verstärkte zytoplasmatische Lokalisation von Nukleolin festgestellt werden. Es kam zur Auflösung der deutlichen Nukleoli-Expression, an deren Stelle eine diffuse nukleäre und zytoplasmatische Verteilung des Proteins in der Zelle trat (Pfeile in weiß).

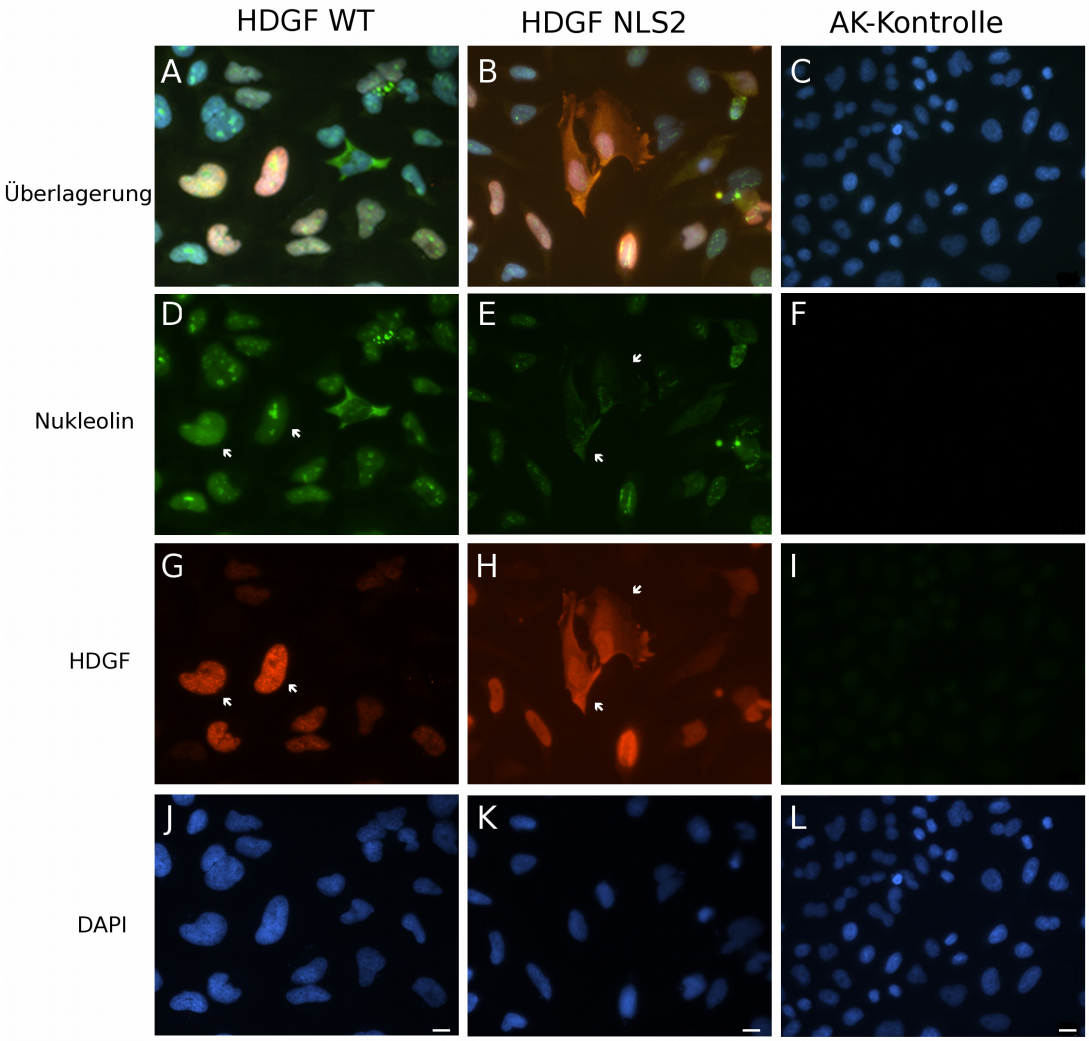
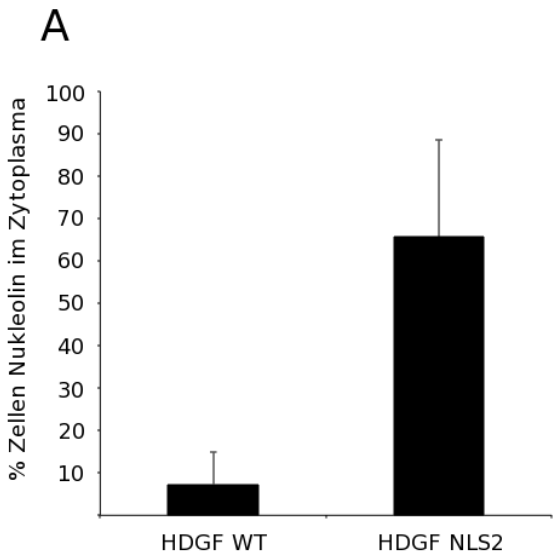


Abbildung 4-10: Lokalisation von Nukleolin in Abhängigkeit von HDGF WT und einer NLS 2-Mutante.

HeLa-Zellen wurden mit HDGF Wildtyp (WT) oder einer Mutante des zweiten nukleären Lokalisationssignals von HDGF (HDGF NLS 2) transfiziert. 48 h nach der Transfektion wurden die Zellen fixiert und HDGF mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF sowie Nukleolin mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin-Antikörper detektiert. Zur Darstellung des Nukleus wurde DAPI verwendet. In G und D ist zu sehen, dass diejenigen Zellen, die HDGF nukleär

exprimierten, ebenfalls eine überwiegend nukleäre Expression von Nukleolin aufwiesen. Pfeile in weiß verdeutlichen diesen Sachverhalt. Wird HDGF durch eine Mutation in der NLS 2-Sequenz verstärkt außerhalb des Nukleus exprimiert, kann in diesen Zellen auch ein Wechsel der Lokalisation für Nukleolin festgestellt werden (E und H, Pfeile in weiß). In den Zellen mit zytoplasmatischer HDGF-Expression war auch Nukleolin verstärkt im Zytoplasma der Zellen lokalisiert. Die Maßstabsbalken in weiß entsprechen jeweils 10 µm.

Die Beobachtungen der immunzytochemischen Untersuchungen sollten im Folgenden statistisch ausgewertet werden. Dafür wurden für jeden experimentellen Ansatz HDGF positive Zellen auf die Lokalisation von Nukleolin in der Zelle untersucht. Wie in Abbildung 4-11 A zu sehen ist, zeigten nur 7 % der Zellen, die die Wildtyp HDGF-Variante exprimierten, eine zytoplasmatische Lokalisation von Nukleolin. Im Vergleich dazu zeigten Zellen, die die HDGF NLS 2-Variante exprimierten, zu 66 % eine zytoplasmatische Lokalisation von Nukleolin. Die statistische Auswertung erfolgte mit Hilfe des Chi-Quadrat-Vierfeldertestes. Dargestellt sind in B exemplarisch zwei Experimente bei denen die absolut ermittelten Zellzahlen im Chi-Quadrat-Vierfeldertest untersucht wurden. Es ergab sich bei beiden ein signifikanter Unterschied mit einem p-Wert von <0.001.



B Chi-Quadrat-Vierfeldertest

	Nukleolin	
	Nukleus	Zytoplasma
HDGF WT	54	10
HDGF NLS2	13	94

p-Wert	< 0.001

	Nukleolin	
	Nukleus	Zytoplasma
HDGF WT	91	3
HDGF NLS2	30	70

p-Wert	< 0.001

Abbildung 4-11: Statistische Auswertung der Lokalisation von Nukleolin in Abhängigkeit von HDGF in HeLa-Zellen.

HeLa-Zellen wurden mit murinem Wildtyp HDGF (WT) oder mit der HDGF NLS 2-Mutante (NLS 2) transfiziert. Nach 48 h wurden die Zellen fixiert und das transfizierte HDGF mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper, das endogene Nukleolin mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin Antikörper detektiert. In der immunzytochemischen Färbung wurden anschließend jeweils HDGF positive Zellen hinsichtlich ihrer Lokalisation von Nukleolin analysiert. Aufgetragen in A ist der prozentuale Anteil der Zellen, die eine Lokalisation von Nukleolin im Zytoplasma zeigten. Bei der Expression von Wildtyp HDGF zeigten 7 % der Zellen eine zytoplasmatische Lokalisation von Nukleolin. Im Vergleich dazu zeigten 66 % der mit der HDGF NLS 2-Mutante transfizierten Zellen eine Lokalisation im Zytoplasma. Die Signifikanz wurde mit den absoluten Zellzahlen im Chi-Quadrat Vierfelder-Test überprüft (B) (Anzahl der Experimente n=3).

4.4.2 Untersuchung der Koreinigung von Nukleolin in Abhängigkeit der HDGF NLS 2-Variante

Da die zytoplasmatische Expression der NLS 2-Mutante von HDGF zu einer verstärkten zytoplasmatischen Lokalisation von endogenem Nukleolin führte, sollte untersucht werden, ob eine Aufreinigung mit der NLS 2-Mutante auch zu einer verstärkten Koreinigung von Nukleolin führt. Dafür wurden die Fusionsproteine von HDGF Wildtyp sowie der NLS 2-Mutante mit Strep-tag in

HeLa-Zellen exprimiert. Die Aufreinigung erfolgte anschließend mit Strep-Tactin MacroPrep Beads und die Eluate wurden im Western Blot analysiert. Wie in Abbildung 4-12 zu sehen ist, war die Menge an kogereinigtem Nukleolin in beiden Proben nahezu äquivalent. Die verstärkte zytoplasmatische Expression der beiden Proteine führte damit nicht zu einer verstärkten Koreinigung von Nukleolin.

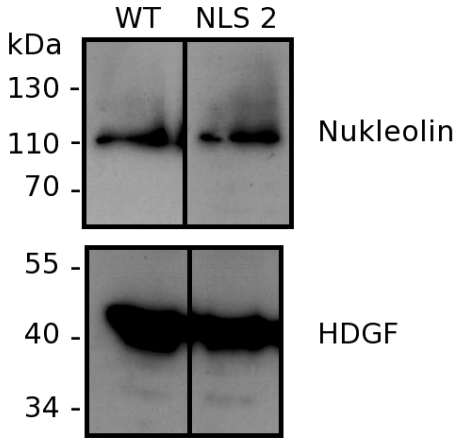


Abbildung 4-12: Koreinigung von Nukleolin in Abhängigkeit der NLS 2-Mutante von HDGF.

HeLa-Zellen wurden mit kodierenden Sequenzen für murines Wildtyp HDGF (WT) sowie einer NLS 2-Mutante von HDGF (NLS 2) transfiziert. Die Strep-tag Fusionsproteine wurden anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Beads aufgereinigt und die Eluate im Western Blot untersucht. Es ist zu sehen, dass die Menge an kogereinigtem Nukleolin in beiden Proben nahezu gleich war. Die Aufreinigung von HDGF erfolgte dabei in nahezu äquivalenten Mengen. Nukleolin wurde mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin Antikörper detektiert. Für HDGF wurde ein polyklonaler Kaninchen-anti-HDGF Antikörper verwendet. Die Detektion der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.4.3 Abhängigkeit der HDGF-Nukleolin-Interaktion von RNA

Es ist bekannt, dass zahlreiche Protein-Interaktionen von der Anwesenheit von RNA abhängig sind. Für Nukleolin konnte dieser Zusammenhang bereits in einigen Studien gezeigt werden [55,56]. Daher sollte überprüft werden, ob auch die Interaktion von HDGF und Nukleolin auf die Anwesenheit von RNA angewiesen

ist. Dafür wurden HEK 293-Zellen mit HDGF Strep-tag oder einem Kontrollplasmid transfiziert und die Lysate vor der Aufreinigung mit und ohne RNAse A über Nacht bei 4 °C inkubiert. Die Lysate wurden anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen aufgereinigt und die Eluate im Western Blot untersucht.

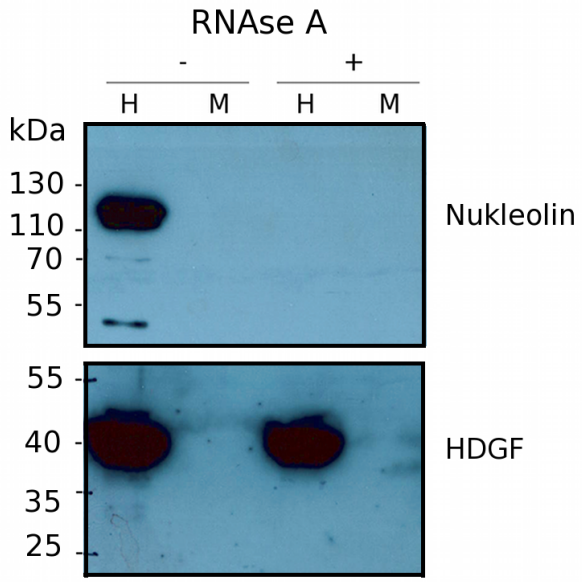


Abbildung 4-13: Einfluss von RNAse A auf den Proteinkomplex von HDGF und Nukleolin.

HEK 293-Zelllysate wurden vor der affinitätschromatographischen Aufreinigung mit und ohne 25 µg/ml RNAse A über Nacht inkubiert. Die Analyse der Eluat-Fraktionen erfolgte im Western Blot. Nukleolin wurde mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin Antikörper, HDGF mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper detektiert. Es ist festzustellen, dass Nukleolin in der HDGF-Eluat Fraktion (H), die vor der Aufreinigung mit RNAse A behandelt wurde, nicht mehr detektiert werden konnte. In der Mock-behandelten Probe, konnte Nukleolin dagegen mit HDGF kogereinigt werden. Die Aufreinigung für HDGF war dagegen nicht abhängig von einer Behandlung der Lysate mit RNAse A. HDGF-Eluat-Fraktion (H), Mock-Eluat-Fraktion (M). Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

Wie in Abbildung 4-13 zu sehen ist, zeigte eine Untersuchung der Eluate im Western Blot, dass die Koreinigung von HDGF und Nukleolin bei vorheriger Inkubation der Lysate mit RNAse A vollständig verhindert werden konnte. Es kann daher festgehalten werden, dass die Interaktion von HDGF und Nukleolin abhängig von der Anwesenheit von RNA ist.

4.4.3.1 Behandlung der HEK 293-Zellen mit Paclitaxel

Unterschiedliche Studien haben sowohl für Nukleolin als auch HDGF einen Einfluss auf die zelluläre Bcl-2 mRNA-Menge nachgewiesen. Es konnte darüberhinaus gezeigt werden, dass eine Behandlung von HL-60 Zellen mit Paclitaxel (Taxol®) zu einer Destabilisierung der Bcl-2 mRNA führt. Unter dieser Behandlung ist auch die Bindung von Nukleolin und anderer RNA-bindender Proteine an die 3'UTR und damit die Stabilisierung der Bcl-2 mRNA nicht mehr effizient [57]. Sollte die Interaktion von HDGF und Nukleolin unter anderem von der Anwesenheit der Bcl-2 mRNA abhängig sein, sollte demnach eine Behandlung der Zellen mit Paclitaxel zu einer Reduktion der beobachteten Koreinigung von Nukleolin mit HDGF Strep-tag führen. Dieser Versuch sollte daher einen ersten Hinweis geben, ob die Interaktion von HDGF und Nukleolin über die Bcl-2 mRNA verläuft. Dafür wurden HEK 293-Zellen mit 200 nM Paclitaxel (gelöst in DMSO), nur DMSO oder unbehandelte Zellen in Kulturmedium für 16 h inkubiert. Die Zelllysate wurden anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen aufgereinigt und im Western Blot untersucht. Wie Abbildung 4-14 zeigt, nahm die Menge an kogereinigtem Nukleolin in den mit Paclitaxel behandelten Proben ab. Die Menge an aufgereinigtem HDGF dagegen war in allen Proben unverändert.

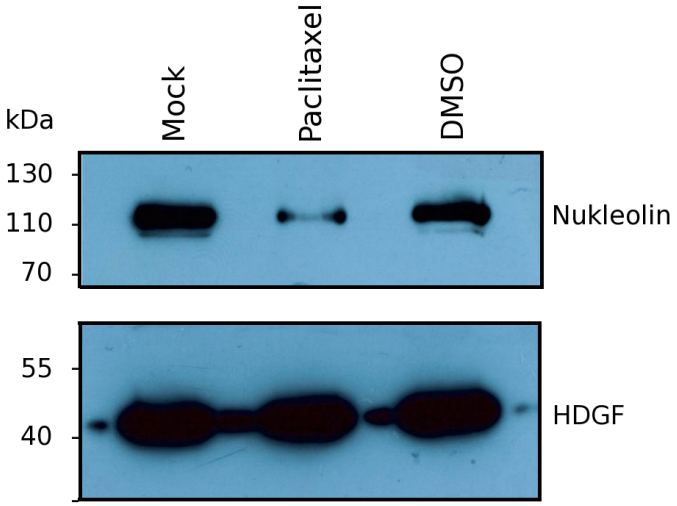


Abbildung 4-14: Destabilisierung des HDGF-Nukleolin Proteinkomplexes durch Paclitaxel.

HEK 293-Zellen wurden mit 200 nM Paclitaxel, DMSO oder unbehandelt für 16 h bei 37 °C inkubiert. HDGF Strep-tag aus den Zelllysaten wurde anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Z-Säulen aufgereinigt und die Eluat-Fraktionen im Western Blot untersucht. Aufgetragen sind in dieser Abbildung äquivalente Mengen der Eluat-Fraktionen. Das HDGF Fusionsprotein wurde mit Peroxidase gekoppeltem StrepTactin detektiert. Für die Detektion von Nukleolin wurde ein monoklonaler Maus-anti-Nukleolin Antikörper verwendet. Es ist zu sehen, dass die Behandlung der Zellen mit Paclitaxel vor der Aufreinigung zu einer verminderten Koreinigung von Nukleolin führte. Die Behandlung mit DMSO hatte dagegen keine Auswirkungen auf die Menge an kogereinigtem Nukleolin. Die Aufreinigung von HDGF war in allen Proben unverändert. Die Detektion der gebundenen Antikörper sowie des StrepTactins erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

4.5 Untersuchungen zum Einfluss von Bcl-2 auf die Interaktion von HDGF und Nukleolin

4.5.1 Einfluss der Überexpression von HDGF auf die Expressionshöhe von Bcl-2 auf mRNA und Proteinebene

Für HDGF konnte in einem Knock-down Ansatz mit einer siRNA gegen HDGF gezeigt werden, dass die Abnahme von HDGF mit einer Abnahme der Expression von Bcl-2 in der Zelle korreliert [38]. Für Nukleolin konnte in Studien gezeigt werden, dass es auf einem AU-reichen Element (ARE) innerhalb der

3'UTR von Bcl-2 binden kann und dadurch zu einer Stabilisierung der mRNA führt [58,59].

Nachdem gezeigt werden konnte, dass die Behandlung von Zellen mit Paclitaxel zu einem Rückgang der Interaktion von HDGF und Nukleolin führt, sollte der direkte Einfluss einer Überexpression von HDGF auf die mRNA von Bcl-2 untersucht werden. Dafür wurden HeLa-Zellen mit der kodierenden Sequenz von murinem Wildtyp HDGF, der HDGF NLS 2-Mutante oder einer Mock-Kontrolle (Leervektor pCDNA3) transfiziert und nach 48 h die RNA isoliert. Nach der cDNA-Synthese wurde für diese Proben eine quantitative Real-time PCR mit Primern für die Bcl-2 mRNA sowie Primern für humanes GAPDH, welches zur Normalisierung verwendet wurde, durchgeführt. In Abbildung 4-15 A ist die relative Expressionshöhe der Bcl-2 mRNA in Abhängigkeit von der Überexpression der verschiedenen HDGF-Konstrukte dargestellt. Es konnte festgestellt werden, dass die Überexpression von Wildtyp-HDGF in HeLa-Zellen zwar zu einer 1,8 fachen Erhöhung der relativen Expressionshöhe der Bcl-2 mRNA führte, diese aber nicht signifikant war. Bei einer Überexpression der HDGF NLS 2-Mutante dagegen kam es lediglich zu einer 1,07 fachen, ebenfalls nicht signifikanten Erhöhung.

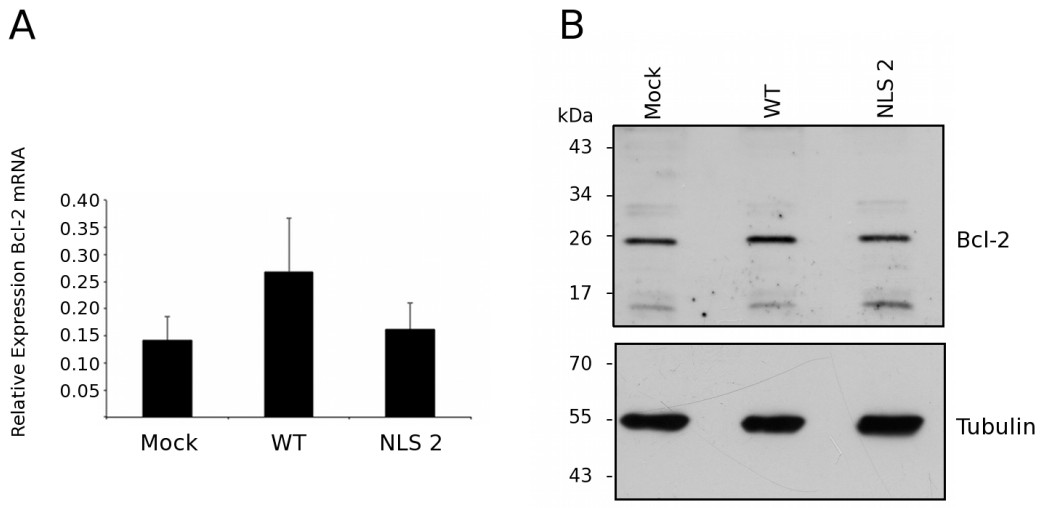


Abbildung 4-15: Expressionsanalyse von Bcl-2 auf mRNA und Protein-Ebene in Abhängigkeit von HDGF.

In A wurden HeLa-Zellen mit HDGF Wildtyp (WT), der HDGF NLS 2-Variante (NLS 2) sowie einer Leervektor-Kontrolle (Mock) transfiziert. 48 h nach der Transfektion wurde die RNA aus den Zellen isoliert und eine quantitative Real-time PCR mit Primern für die Bcl-2 mRNA sowie GAPDH durchgeführt. Die erhaltenen Werte für Bcl-2 wurden gegen die ermittelten Werte für GAPDH normalisiert. Es ist festzustellen, dass der relative Expressionsspiegel der Bcl-2 mRNA bei einer Überexpression von Wildtyp-HDGF um das 1,8 fache erhöht ist. Im Gegensatz dazu ist der Spiegel der mRNA bei einer Überexpression der NLS 2-Mutante nicht erhöht (1,07 fach). Beides war jedoch nicht signifikant. In B wurden HeLa-Zellen 72 h nach Transfektion geerntet und 50 µg der Zelllysate im Western Blot untersucht. Als Ladekontrolle wurde Tubulin verwendet. Die densitometrische Quantifizierung des Bcl-2 Signals ergab keine signifikante Erhöhung von Bcl-2 auf Proteinebene. Bcl-2 wurde mit einem Kaninchen-anti-Bcl-2 Antikörper detektiert, für Tubulin wurde ein monoklonaler Maus-anti-αTubulin Antikörper verwendet. Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

Es sollte im Weiteren untersucht werden, ob ein Effekt der HDGF-Überexpression auf Proteinebene von Bcl-2 festzustellen ist. Dafür wurden HeLa-Zellen mit HDGF-WT und der NLS 2-Mutante transfiziert und nach 72 h geerntet. Äquivalente Mengen Gesamtprotein der Zelllysate wurden auf ein SDS-Gel aufgetragen und im Western Blot untersucht. Als Ladekontrolle wurde Tubulin verwendet. Wie in Abbildung 4-15 B zu sehen ist, konnte bei der Expression von Bcl-2 auf Proteinebene keine Erhöhung in Abhängigkeit einer Überexpression von HDGF festgestellt werden.

4.5.2 Untersuchung der Interaktion von HDGF und Nukleolin in Abhängigkeit verschiedener Bcl-2 Konstrukte in HeLa-Zellen

Um zu untersuchen, ob eine Überexpression von Bcl-2 wiederum einen Einfluss auf den Komplex von HDGF und Nukleolin ausübt, wurden verschiedene Bcl-2 Konstrukte kloniert und in HeLa-Zellen zusammen mit dem HDGF Strep-tag Fusionsprotein überexprimiert. Die Lysate wurden anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Beads aufgereinigt und die Eluate im Western Blot untersucht. In Abbildung 4-16 A sind schematisch die Bcl-2 Konstrukte dargestellt, die für die Analyse der Koreinigung von Nukleolin verwendet wurden. Dabei wurde ein Volllängen-Konstrukt (VL) bestehend aus der 5'UTR, der kodierenden Sequenz (cds) sowie der 3'UTR von Bcl-2 als Ausgangskonstrukt verwendet. Davon ausgehend wurden verschiedene Deletionskonstrukte kloniert. Wie in B zu erkennen ist, wurden alle Konstrukte äquivalent exprimiert und konnten für weitere Analysen verwendet werden.

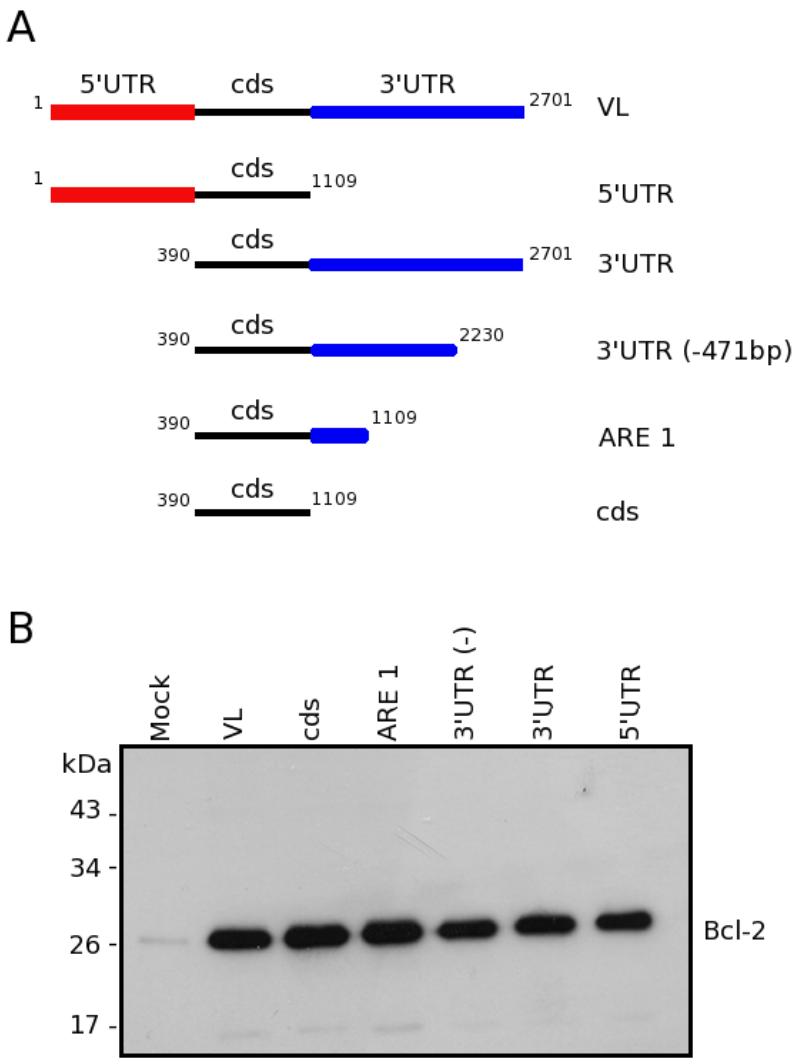


Abbildung 4-16: Schematische Darstellung und Expression der Bcl-2 Konstrukte.

Es wurden, wie in A schematisch dargestellt, verschiedene Bcl-2 mRNA Konstrukte kloniert. Mit Hilfe dieser Konstrukte sollte die Abhängigkeit der Interaktion von HDGF und Nukleolin von der Bcl-2 mRNA untersucht werden. Dafür wurde ein Volllängen-Konstrukt (VL) bestehend aus 5'UTR, der kodierenden Sequenz (cds) und 3'UTR, sowie verschiedene Deletionskonstrukte erzeugt: 5'UTR+cds (5'UTR), cds+3'UTR (3'UTR), cds +3'UTR ohne die letzten 471 bp (3'UTR(-)), cds+3'UTR ARE1 (ARE 1) sowie nur die cds von Bcl-2. Zur Kontrolle der Expression dieser Konstrukte wurden äquivalente Mengen der Lysate auf eine SDS-Gel (4-20 %) aufgetragen und im Western Blot untersucht. Wie in B zu sehen ist, war die exprimierte Bcl-2 Proteinmenge der verschiedenen Konstrukte als nahezu äquivalent anzusehen. Bcl-2 wurde mit einem monoklonalen Kaninchen-anti-Bcl-2 Antikörper detektiert. Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

Vor der Analyse der Eluate wurde zunächst der Einfluss der Bcl-2 Konstrukte auf die HDGF-Expression untersucht. Dafür wurden äquivalente Mengen

Gesamtprotein der Lysate auf ein SDS-Gel aufgetragen. HDGF und Tubulin als Referenzprotein wurden im Western Blot über fluoreszierende Zweitantikörper im Infrarot-Odyssee Scanner visualisiert und das Signal quantitativ ausgewertet.

Wie in Abbildung 4-17 zu sehen ist, war die Expression von transfiziertem HDGF abhängig von der Kotransfektion und damit der Expression der verschiedenen Bcl-2 Konstrukte. Die Expression von Volllängen-Bcl-2 führte zu einer 7fachen Steigerung der HDGF-Proteinmenge, wohingegen die Expression der cds von Bcl-2 die HDGF-Menge bis auf eine nicht-detektierbare Menge bei 20 µg Gesamtprotein reduzierte. Wurde jedoch ein Bcl-2 Konstrukt exprimiert, bei dem entweder die 5' oder die 3'UTR an die cds von Bcl-2 angehangen wurde, konnte die HDGF-Menge wieder gesteigert werden.

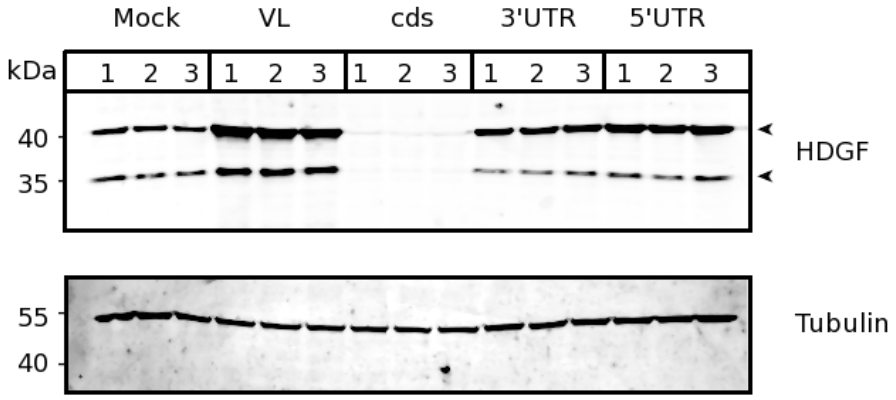


Abbildung 4-17: Quantifizierung der HDGF-Expression in Abhängigkeit verschiedener Bcl-2 Konstrukte.

HeLa-Zellen wurden mit HDGF Strep-tag sowie verschiedenen Bcl-2-Konstrukten oder einer Mock-Kontrolle kotransfiziert. 20 µg Gesamtprotein der Lysate von jeweils 3 biologischen Replikaten (1-3) wurden auf ein SDS-Gel aufgetragen. Transfiziertes HDGF wurde mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper detektiert. Zur Ladekontrolle wurde Tubulin mit einem monoklonalen Maus-anti-Tubulin Antikörper detektiert. Die Menge gebundener Antikörper wurde mit Hilfe von spezifischen Fluoreszenz gekoppelten sekundären Antikörpern und einem Odyssee Fluoreszenzscanner quantifiziert. Es ist zu sehen, dass die HDGF-Expression bei gleichzeitiger Kotransfektion der Volllängen-mRNA von Bcl-2 (VL) um das 7fache im Vergleich zur Mock-Kontrolle (Leervektor) zunahm. Die Kotransfektion der cds von Bcl-2 führte dagegen zu einem starken Rückgang der HDGF-Expression. Durch das Anhängen sowohl der 3'UTR als auch der 5'UTR an die cds von Bcl-2 konnte dieser Effekt verhindert werden.

Für die Analyse der Koreinigung von Nukleolin in Abhängigkeit von Bcl-2 wurden HeLa-Zellen mit HDGF Strep-tag sowie den jeweiligen Bcl-2 Konstrukten kotransfiziert. Die Lysate wurden hinsichtlich der HDGF Menge quantifiziert, so dass äquivalente Mengen an HDGF anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Beads aufgereinigt werden konnten. Es wurden gleiche Mengen an Eluat-Fraktionen auf ein SDS-Gel aufgetragen und im Western Blot untersucht. Wie in Abbildung 4-18 zu sehen ist, konnte Nukleolin in der Mock kotransfizierten Probe nur zu einem sehr geringen Anteil kogereinigt werden. Im Gegensatz dazu führte die Kotransfektion des Vollängen-Bcl-2 Konstruktes (VL) zu einer deutlichen Zunahme des kogereinigten Nukleolins. Überraschenderweise konnte durch die Kotransfektion der codierenden Sequenz (cds) von Bcl-2 eine Interaktion von HDGF und Nukleolin vollständig verhindert werden. Auf diesen Befund aufbauend wurde nun der Bereich der mRNA von Bcl-2 gesucht, welcher für die Vermittlung der Interaktion von HDGF und Nukleolin notwendig ist. Das ARE1-Konstrukt entsprach der nächstgrößeren Einheit im Vergleich zur cds alleine. Dafür wurden 405 bp der 3'UTR an die cds angehangen. Dieses Element konnte bereits als Bindungsmotif für Nukleolin auf der 3'UTR der Bcl-2 mRNA identifiziert werden [58]. Es ist zu sehen, dass der Anhang dieser 405 bp ausreichte, um eine Koreinigung von Nukleolin zu ermöglichen. Auch ein weiteres Deletionskonstrukt der 3'UTR, dem die letzten 471 bp fehlten sowie die vollständige 3'UTR ergaben das gleiche Ergebnis. Überraschenderweise konnte eine Koreinigung von Nukleolin auch dann erzielt werden, wenn nur die 5'UTR an die cds angehängt wurde. Es ist also festzuhalten, dass die Interaktion von HDGF und Nukleolin in HeLa-Zellen sowohl von der 5' als auch der 3'UTR der mRNA von Bcl-2 vermittelt werden kann.

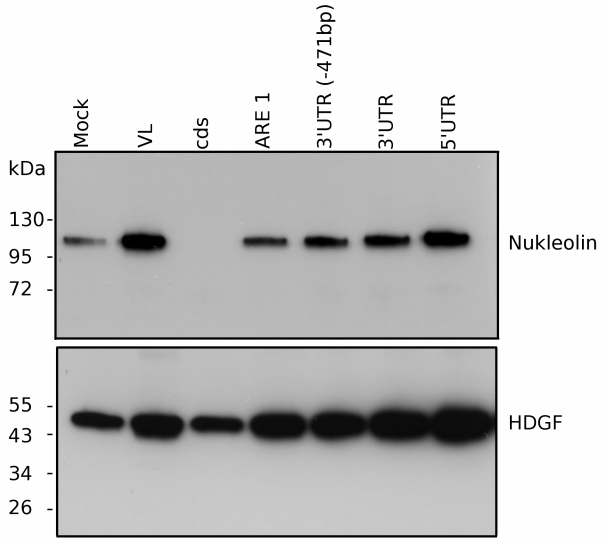


Abbildung 4-18: Abhängigkeit der Interaktion von HDGF und Nukleolin von der Bcl-2 mRNA.

HDGF Strep-tag wurde mit den verschiedenen Bcl-2 Varianten in HeLa Zellen exprimiert. Die Lysate wurden anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Beads aufgereinigt und die Eluate zur Analyse auf ein SDS-Gel (4-20 %) aufgetragen. Die Analyse im Western Blot zeigte zunächst, dass die Menge an kogereinigtem Nukleolin durch Expression des Bcl-2 Volllängen Konstruktes (VL) im Vergleich zur Mock-transfizierten Kontrolle (Mock) gesteigert werden konnte. Die Expression der kodierenden Sequenz (cds) von Bcl-2 führte hingegen zu einem vollständigen Verlust der Koreinigung von Nukleolin. Des Weiteren kann festgestellt werden, dass schon der Anhang von 405 bp der 3'UTR (ARE1) an die cds von Bcl-2 ausreichte, um die Koreinigung von Nukleolin zu ermöglichen. Ebenfalls konnte die Koreinigung von Nukleolin durch Anhang der 5'UTR an die cds von Bcl-2 erreicht werden. Die Aufreinigung von HDGF erfolgte in annähernd äquivalenten Mengen. Nukleolin wurde mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin Antikörper, HDGF mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper detektiert. Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz (ECL).

Als nächstes stellte sich die Frage, inwiefern die kodierende Sequenz der Bcl-2 mRNA an der Koreinigung von HDGF und Nukleolin beteiligt ist. Dafür wurde die kodierende Sequenz von Bcl-2 gegen die kodierende Sequenz der sekretierten alkalischen Phosphatase (SEAP) ausgetauscht, so dass ein Konstrukt bestehend aus der 5' und 3'UTR von Bcl-2 mit der kodierenden Sequenz von SEAP erzeugt wurde. Wie in Abbildung 4-19 zu sehen ist, konnte der Effekt der Volllänge von Bcl-2 (VL) mit der Volllänge von SEAP (VL SEAP) nicht erreicht werden. Eine gesteigerte Menge an kogereinigtem Nukleolin war nur in der VL-Probe, bestehend aus 5' und 3'UTR sowie der cds von Bcl-2 zu

detektieren. Es konnte gezeigt werden, dass die Menge der Bcl-2 mRNA in der Zelle sowohl in der VL- als auch in der VL SEAP-Probe erhöht war. Es ist daher festzustellen, dass die kodierende Sequenz der Bcl-2 mRNA notwendig ist, um eine effiziente Bildung des HDGF-Nukleolin Komplexes zu erreichen.

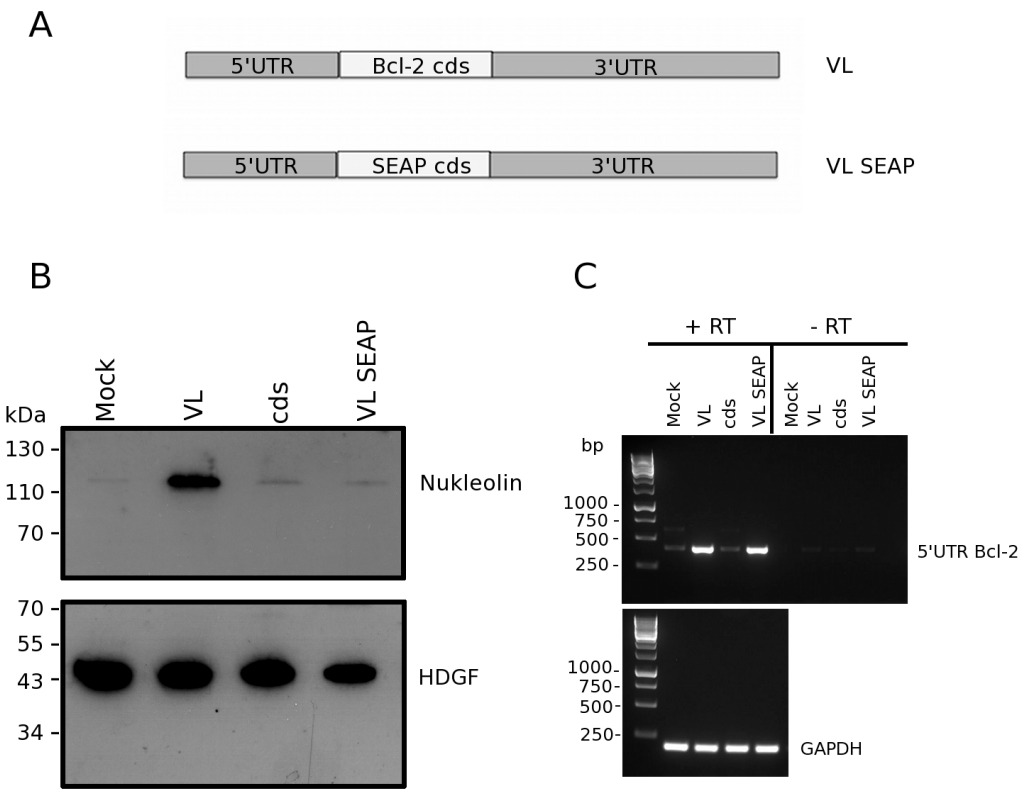


Abbildung 4-19: Einfluss der kodierenden Sequenz von Bcl-2 auf die Koreinigung von Nukleolin und HDGF.

(A) Zur Untersuchung des Einflusses der kodierenden Sequenz der Bcl-2 mRNA auf die Koreinigung von HDGF und Nukleolin, wurde ein Vollängen-Konstrukt der mRNA von Bcl-2 (VL), sowie ein Vollängen-Konstrukt der mRNA von Bcl-2, die die kodierende Sequenz von SEAP anstelle der kodierenden Sequenz von Bcl-2 enthielt (VL SEAP), in HeLa-Zellen exprimiert. Die verwendeten Konstrukte sind hier schematisch dargestellt. (B) HDGF Strep-tag wurde mit den beiden VL-Konstrukten sowie der kodierenden Sequenz von Bcl-2 (cds) und einer Leervektor-Kontrolle (Mock) exprimiert und die Fusionsproteine anschließend über Strep-Tactin MacroPrep Beads aufgereinigt. Die Eluate wurden anschließend im Western Blot untersucht. Es ist zu sehen, dass die Koreinigung von Nukleolin nur bei Expression der VL von Bcl-2 mit der Bcl-2 cds zu einer gesteigerten Koreinigung von Nukleolin führte. Der Austausch gegen die kodierende Sequenz von SEAP führte zu einem Verlust dieser Anreicherung und entsprach der Kontrolle (HDGF Strep-tag mit Leervektor = Mock). Die Detektion von Nukleolin

erfolgte mit einem monoklonalen Maus-anti-Nukleolin Antikörper. HDGF wurde mit einem polyklonalen Kaninchen-anti-HDGF Antikörper nachgewiesen. Der Nachweis der gebundenen Antikörper erfolgte mit Hilfe der verstärkten Chemilumineszenz. (C) Um nachzuweisen, dass beide VL-Konstrukte zu einer äquivalenten Erhöhung des Bcl-2 mRNA Spiegels führten, wurde RNA aus transfizierten HeLa-Zellen isoliert und eine PCR auf der cDNA sowohl für die 5'UTR von Bcl-2 als auch für GAPDH als Ladekontrolle durchgeführt (+ RT = cDNA-Synthese mit Reverser Transkriptase). Des Weiteren wurde zur Kontrolle eine PCR auf der cDNA durchgeführt, deren Synthese ohne Reverse Transkriptase durchgeführt wurde (- RT = cDNA-Synthese ohne Reverse Transkriptase). Es konnte eine deutliche Steigerung der mRNA-Menge in beiden VL-Proben im Vergleich zur Kontrolle (transfizierter Leervektor = Mock) bzw. zur cds von Bcl-2 (cds) gezeigt werden.

4.5.3 Untersuchung der Zusammensetzung der Eluate von Bcl-2 cds und mRNA mit Hilfe der MaxQuant Analyse

Es konnte gezeigt werden, dass die Interaktion von HDGF und Nukleolin durch die Kotransfektion der kodierenden Sequenz (cds) von Bcl-2 alleine verhindert und durch die mRNA von Bcl-2 verstärkt werden konnte. Daraus resultierte die Fragestellung, ob sich generell das Muster der koreinigenden Proteine in diesen Proben unterschied.

In Zusammenarbeit mit Dr. Sebastian Franken wurde die Zusammensetzung der Eluate in der LTQ Orbitrap analysiert und mit der MaxQuant Software (Max Planck Institut für Biochemie, Martinsried) ausgewertet. Dafür wurden jeweils drei biologische Replikate der Proben wie in 3.3.11 beschrieben aufgereinigt und über die FASP-Methode für die Analyse in der LTQ Orbitrap vorbereitet. Die Daten aus der LTQ Orbitrap wurden dann mit Hilfe der MaxQuant Software analysiert und die Daten in einem Volcano-Plot dargestellt (Abbildung 4-20). Es ist zu sehen, dass sich das Interaktions-Muster zwischen den Proben stark unterschied. In den Eluaten der Bcl-2 Volllängen-Probe (Bcl-2 VL) wurden einige Proteine angereichert, die in den Eluaten der Bcl-2 cds nicht signifikant identifiziert werden konnten. Bei einem dieser Proteine handelte es sich um Nukleolin, wodurch das Ergebnis aus den Western Blot Analysen aus 4.5.2 bestätigt wurde. Des Weiteren wurden Proteine wie Nukleophosmin, ribosomale Proteine wie z.B. das 60S azide ribosomale Protein und Histone wie z.B. Histon H2B Typ1 und Histon H4 und H3 identifiziert. Proteine, die keinen signifikanten

Unterschied zwischen den zwei Proben aufwiesen waren z.B. Streptavidin oder Ku70. Eine Auflistung aller identifizierten Proteine befindet sich im Anhang (Punkt 8.1.4) .

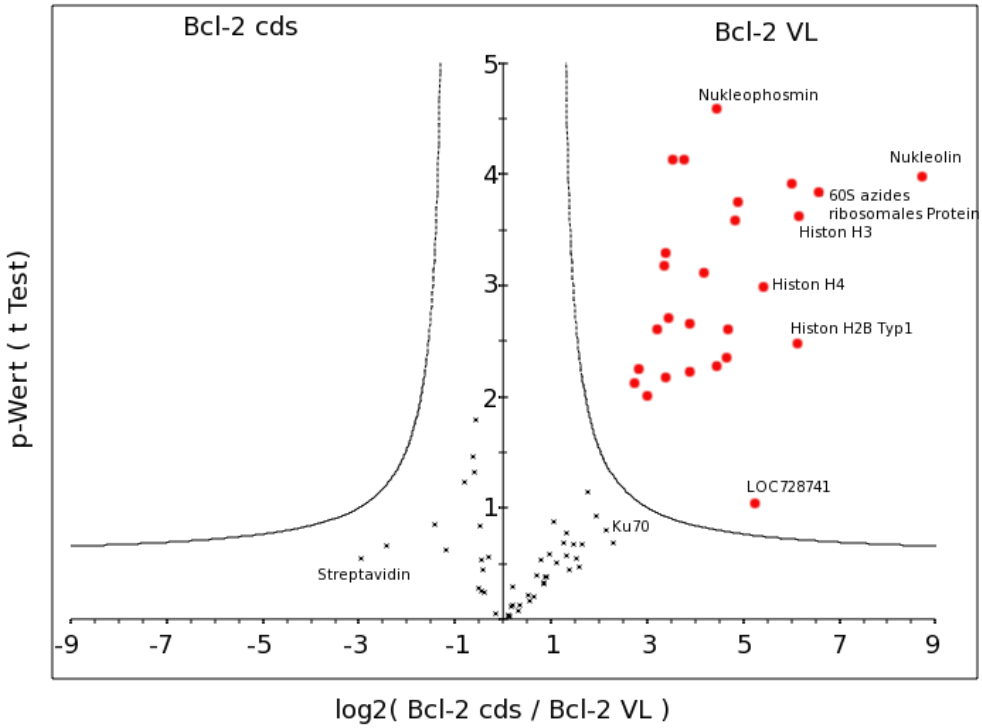


Abbildung 4-20: Untersuchung der Proteinzusammensetzung der Eluate von HDGF Strep-tag mit der Bcl-2 cds oder VL mRNA.

Die Zusammensetzung der Eluate von HDGF Strep-tag mit der Bcl-2 cds oder mRNA wurden in der LTQ Orbitrap untersucht. Die Daten aus jeweils drei biologischen Replikaten wurden mit Hilfe der MaxQuant Software analysiert und das Ergebnis in einem Volcano-Plot dargestellt. Hier ist das logarithmische Verhältnis der Proteinintensitäten (log_2(Bcl-2cds/Bcl-2 mRNA)) gegen den negativen Logarithmus der p-Werte (P-Wert (T-Test)) des t-Tests der Triplikate aufgetragen. Die hyperbolische Kurve markiert die berechnete Signifikanzgrenze. Die Proteine, die über dieser Kurve liegen waren für die jeweilige Probe als spezifisch angereicherte Proteine anzusehen (Punkte in rot). Bei den Proteintreffern, die unterhalb dieser Kurve liegen, handelte es sich um nicht von der VL mRNA abhängige und daher in beiden Proben gleichermaßen vorkommenden Proteine, wie z.B Streptavidin oder Ku70 (Punkte in schwarz). Es ist zu sehen, dass in der Bcl-2 VL-Probe Nukleolin, Nukleophosmin, Histon H2B Typ1, Histon H3, Histon H4 und das ribosomale azide 60S Protein unter anderen als signifikante Proteine identifiziert werden konnten. Eine Liste aller identifizierten Proteine befindet sich im Anhang.

4.5.4 Interaktions-Muster von HDGF in Abhängigkeit verschiedener Phosphomutanten

Für HDGF konnten in Phosphoproteom-Studien bereits einige Phosphorylierungsstellen identifiziert werden. In einer Studie an humanen HT29 Zellen (Kolon-Adenokarzinomzellen) wurde beispielsweise Serin 165 als phosphoryliertes Peptid per Massenspektrometrie identifiziert [45]. Für Serin 103 konnten bereits funktionelle Daten erzeugt werden Es wurde hier gezeigt, dass die Phosphorylierung an Serin 103 eine wichtige Rolle für die mitogene Aktivität von HDGF spielt [48].

In einem initialen Versuch sollten daher die Auswirkungen verschiedener Phosphomutanten auf das Interaktions-Muster von HDGF untersucht werden. Dafür wurden die verschiedenen Mutanten als Strep-tag Fusionsproteine in HEK 293-Zellen exprimiert und über MacroPrep Z-Säulen aufgereinigt. Die Eluate wurden anschließend in einem Gradientengel (4-12 %) aufgetrennt und die Proteine mit kolloidalem Coomassie angefärbt. Wie in Abbildung 4-21 zu sehen ist, konnten deutliche Unterschiede im Bandenmuster der kogereinigten Proteine detektiert werden. Die Phosphomutanten S165A und S202A zeigten im Vergleich zum Wildtyp-HDGF eine deutliche Anreicherung von drei Proteinen die im Gradienten-Gel zwischen 25 und 15 kDa migrierten. Diese Proteine wurden mit Trypsin im Gel gespalten und die Peptide in der ESI-Ionenfalle analysiert. Die drei Banden konnten als Histon H2B Typ1C, Histon H2A Typ1B sowie Histon H4 identifiziert werden. Eine Liste der identifizierten Peptide befindet sich im Anhang (Punkt 8.1.3).

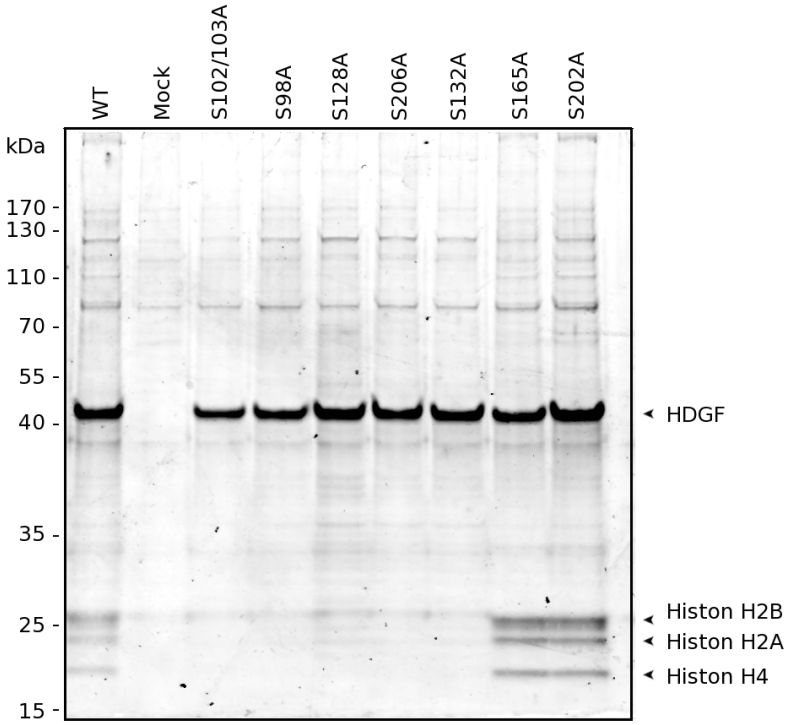


Abbildung 4-21: Analyse der Phosphomutanten von HDGF.

HEK 293-Zellen wurden mit HDGF (WT), einer Negativ-Kontrolle (Mock) sowie den verschiedenen Phosphomutanten von HDGF transfiziert und die Lysate anschließend über MacroPrep Z-Säulen aufgereinigt. Aufgetragen ist hier jeweils die Hälfte der Eluat-Fraktionen von HDGF (WT), der Mock-transfizierten Kontrolle (Mock) sowie den verschiedenen Phosphomutanten von HDGF. Es ist zu sehen, dass bei einer annähernd gleichen Menge an aufgereinigtem HDGF bei den Phosphomutanten S165A und S202A eine Anreicherung von drei Proteinbanden im Vergleich zum WT vorlag. Die Banden dieser Proteine, die im SDS-Gel bei einer Größe zwischen 25 und 15 kDa migrierten, wurden ausgeschnitten und in der ESI-Ionenfalle analysiert. Es konnten Histon H2B Typ1C, Histon H2A Typ1B sowie Histon H4 identifiziert werden.

Bei den anderen Phosphomutanten zeigte sich dagegen im Vergleich zum WT-HDGF eine Abnahme dieser Proteine. Dieser Befund bestätigte die Ergebnisse aus 4.5.3 in Bezug auf die Identifizierung verschiedener Histone als Interaktionspartner von HDGF. Diese ersten Ergebnisse lassen den Schluss zu, dass es sich bei der Interaktion von HDGF mit Histonen und anderen an diesem Komplex beteiligten Proteinen um einen regulierten Prozess handelt, der durch Phosphorylierung von HDGF mit gesteuert werden kann. Um diese initialen Ergebnisse zu bestätigen, müssen jedoch noch weitere Versuche durchgeführt werden.

5 Diskussion

5.1 HDGF-Proteinkomplexe

In Untersuchungen zu HDGF im Zusammenhang mit Tumoren konnte gezeigt werden, dass HDGF in vielen Tumoren eine erhöhte Expression aufweist und dies mit einer schlechten Prognose für den Patienten korreliert. Dies macht das Protein zu einem höchst interessanten Kandidaten für einen potentiellen prognostischen Marker. Ob, und wenn ja, über welche Wege HDGF an einer Tumorentstehung bzw. -entwicklung beteiligt oder in den Prozess der Metastasierung involviert sein könnte, gibt es bislang nur wenige weiterführende Untersuchungen. Um eine Idee zu erhalten, welche Funktion(en) HDGF in der Zelle innehat, sollten zunächst potentielle HDGF-interagierende Proteine identifiziert werden. Diese Fragestellung wurde bisher lediglich in einer Studie adressiert. Dort konnte mit Hilfe von Immunpräzipitationen und anschließender massenspektrometrischer Analyse eine Bindung von HDGF an die heterogenen Ribonukleoproteine (hnRNPs) K und I, sowie dem Onkoprotein TLS/Fus gezeigt werden. Funktionelle Daten zu diesen Interaktionen wurden in der Studie jedoch nicht vorgestellt [31].

Zu Beginn der Arbeit sollte zunächst die Frage geklärt werden, ob HDGF in der Zelle in größeren Proteinkomplexen vorkommt. Diese Fragestellung wurde mit Hilfe zwei verschiedener Methoden angegangen. Sowohl bei der Untersuchung von HeLa- und HEK 293-Zelllysaten in der Größenausschlusschromatographie als auch in der nativen Gelelektrophorese konnte HDGF in einem Molekulargewichtsbereich von 400-700 kDa detektiert werden (Abbildung 4-1). Damit konnte zum ersten Mal gezeigt werden, dass HDGF in hochmolekularen Komplexen in der Zelle vorliegt.

Für die Aufreinigung der HDGF-Proteinkomplexe wurde ein Fusionsprotein verwendet, welches aus der kodierenden Sequenz für das murine HDGF sowie einem Strep-tag am C-Terminus des Proteins bestand. Das Strep-tag-System

wurde verwendet, da es für die Aufreinigung von Proteinkomplexen zahlreiche Vorteile aufweist. Wie einleitend bereits erwähnt, handelt es sich beim Strep-tag um einen sehr kurzen Tag, der lediglich aus acht Aminosäuren besteht. Des Weiteren ist der Strep-tag biochemisch inert, zeigt eine große Resistenz gegenüber zellulären Proteasen, hat keinen Einfluss auf Proteinfaltung und –sekretion und kann unter milden Bedingungen eluiert werden, so dass die Aktivität von Proteinkomplexen weitestgehend erhalten bleibt [60]. Seine hohe Spezifität zu Strep-Tactin, einem modifizierten Streptavidin, ermöglicht eine Aufreinigung mit nur geringem Hintergrund an unspezifisch bindenden Proteinen und eignet sich daher hervorragend für die Analyse von Proteinkomplexen [12]. Mit dieser etablierten Methode konnten schon einige Proteinkomplexe gereinigt und ihre Komponenten identifiziert werden. Um auszuschließen, dass der verwendete Strep-tag die Bildung hochmolekularer HDGF-Komplexe verhindert, wurde auch das HDGF Strep-tag Fusionsprotein hinsichtlich seiner Verteilung in der Größenausschlusschromatographie untersucht. Es konnte gezeigt werden, dass das Fusionsprotein ebenso wie das endogene Protein in der Lage ist, hochmolekulare Komplexe zu bilden. Dieses Ergebnis war die Voraussetzung, um HDGF-Proteinkomplexe über das Fusionsprotein aufzureinigen.

Für eine erfolgreiche Aufreinigung des HDGF Strep-tag Fusionsproteins wurden zunächst unterschiedliche Strep-Tactin gekoppelte Matrizes auf ihre Eigenschaften hin untersucht. Dabei konnte für die Sepharose basierte Matrix neben der Anreicherung des Fusionsproteins auch eine starke Anreicherung unspezifisch bindender Proteine beobachtet werden. Trinkle-Mulcahy und Mitarbeiter konnten in einer Studie zeigen, dass sogenannte „Bead-Proteome“ also unspezifische Bindungen von Proteinen an die Matrix, die Analyse von Interaktionspartnern durch den hohen Hintergrund nicht-spezifischer Bindungen erschwerten. Dieser Punkt traf insbesondere auch auf die Sepharose-Matrix zu [61]. Im weiteren Verlauf wurde daher eine Polymethacrylat (MacroPrep)-Matrix verwendet, die zu einer deutlichen Reduktion der unspezifischen Bindungen bei gleichzeitiger Anreicherung von HDGF Strep-tag führte. Die

Aufreinigung des Fusionsproteins konnte dahingehend optimiert werden, dass neben HDGF auch spezifisch weitere Proteine angereichert werden konnten. Dies gelang zum einen durch Verwendung der MacroPrep-Matrix, zum anderen aber auch durch Anpassen von Parametern wie der Konzentration der Ausgangsprobe oder der Anzahl an Waschschritten während der Aufreinigung. Die Konzentration der Probe sollte vor dem Säulenauftrag möglichst hoch sein, da die Spezifität der Bindung des Strep-tags an Strep-Tactin zwar sehr hoch ist, die Affinität der Bindung jedoch eher moderat (K_d = 1 µM). So kann es bei einer niedrig konzentrierten Probe zur Dissoziation des bereits gebundenen Strep-tags von der Matrix und damit zu einem Verlust an aufgereinigtem Fusionsprotein kommen [13,60]. Für die HDGF-Aufreinigung erwies sich ein Volumen von 250 µl zur Lyse einer konfluenten 10 cm Zellkulturschale mit einer Konzentration von 10 µg/µl Gesamtprotein als optimal.

Zur Identifizierung von Interaktionspartnern wurden die HDGF-Eluate der Strep-tag Aufreinigung zunächst im SDS-Gel aufgetrennt und die Proteine anschließend mit Coomassie-Färbung visualisiert. Im Vergleich zur Mock-Kontrolle (transfizierter Leervektor) konnten im HDGF-Eluat vier zusätzliche spezifische Proteinbanden identifiziert werden (Abbildung 4-6). Diese Proteine wurden im weiteren Verlauf der Arbeit mit Hilfe von Nano-LC ESI-MS Analysen identifiziert. Dabei wurden die katalytische Untereinheit der DNA-abhängigen Proteinkinase (DNA-PKcs), Ku86 und die Poly-(ADP-Ribose)-Polymerase 1 (PARP-1) sowie Nukleolin erfolgreich identifiziert. Um Bindungspartner zu detektieren, die in so geringen Mengen in den Eluat-Fraktionen vorkamen, dass sie in der Coomassie-Färbung nicht sichtbar waren, wurden die Eluate der Aufreinigung auch direkt ohne vorherige Auftrennung im SDS-Gel mit Trypsin gespalten. Hier konnte Nukleolin ebenfalls als spezifischer Interaktionspartner nach HDGF detektiert werden. Weitere identifizierte Proteine waren Nukleophosmin, das heterogene Ribonukleoprotein A1 sowie das 40S ribosomale Protein S15 und das 60S ribosomale Protein L18. Die beiden durchgeführten Ansätze führten zur Identifizierung unterschiedlicher spezifischer Interaktionspartner für HDGF. Der Vorteil der tryptischen Spaltung

von Proteinen aus SDS-PAGE Gelen liegt in der Denaturierung der Proteine, wodurch die Spaltung der Proteine mit Trypsin erleichtert wird. Andererseits bietet eine direkte tryptische Spaltung der Proteine aus den Eluaten die Möglichkeit, auch solche Proteine zu identifizieren, die in der Coomassie-Färbung nicht sichtbar sind und daher auch nicht ausgeschnitten und analysiert werden. Es ist daher abschließend festzuhalten, dass es durchaus sinnvoll ist, beide Ansätze durchzuführen, um eine möglichst hohe Anzahl spezifischer Interaktionspartner zu identifizieren.

Um die Bedeutung der identifizierten Interaktionspartner für HDGF und mögliche biologische Zusammenhänge besser einschätzen zu können, sollen die identifizierten Proteine im Folgenden näher charakterisiert werden. Bei der DNA-PKcs handelt es sich um die katalytische Untereinheit der DNA-abhängigen Proteinkinase (DNA-PK), welche aus insgesamt drei Komponenten besteht. Neben der katalytischen Untereinheit gibt es eine weitere Komponente mit regulatorischer Funktion. Dabei handelt es sich um das Heterodimer Ku, welches aus dem identifizierten Ku86 sowie Ku70 besteht. Letzteres konnte in einem weiteren MS-Ansatz ebenfalls in den HDGF Strep-tag Eluaten nachgewiesen werden (Punkt 4.5.3). Funktionell ist dieser Komplex zusammen mit der DNA-Ligase IV, dem Kofaktor XRCC4 und der Nuklease Artemis die Hauptkomponente des Nicht-Homologen End-Joining (NHEJ), bei dem vorrangig Doppelstrangbrüche (DSB) repariert werden [62]. Erfolgt diese Reparatur nicht, kann es zu genomischer Instabilität kommen, was häufig ein Kennzeichen maligner Erkrankungen ist [63]. Lepourcelet und Mitarbeiter konnten für HDGF eine korrelierende verstärkte Expression in Kolonkarzinomen zeigen, die eine fehlregulierte DNA-Reparatur aufwiesen [31]. Des Weiteren ist sowohl die DNA-PKcs als auch Ku durch Bindung an Enden von Chromosomen an der Stabilität von Telomeren beteiligt [64,65]. PARP-1 synthetisiert Poly-(ADP-Ribose) und katalysiert die posttranslationale Modifizierung von Proteinen durch die Übertragung von ADP-Ribose aus NAD^+ in Abhängigkeit von genotoxischem Stress. Dabei ist die katalytische Aktivität von PARP-1 abhängig von der Präsenz an Doppelstrangbrüchen. PARP-1 abhängige ADP-Ribosylierung spielt

eine Rolle bei der DNA-Reparatur, Rekombination, Zellproliferation, Transkription und bei der Aufrechterhaltung genomischer Stabilität [66]. Es konnte gezeigt werden, dass PARP-1 Inhibitoren wie 3-Aminobenzamide (3-AB) zu einer erhöhten Inzidenz an Lebertumoren in Mäusen, die mit Diethylnitrosamin behandelt wurden, führte [67]. Des Weiteren führte eine 3-AB-Behandlung zu vermehrten Hauttumoren bei UV-behandelten Mäusen [68]. Die Tatsache, dass eine PARP-1-Aktivität zu einer verstärkten Tumorentstehung in Tieren beiträgt, konnte jedoch in den PARP-1 defizienten Mäusen zunächst nicht bestätigt werden [69]. Hier zeigt sich eine Parallele zu HDGF defizienten Tieren, die bis heute keinen offensichtlichen Phänotyp zeigen [32]. Für Ku86, die DNA-PKcs sowie PARP-1 gibt es bereits Studien, die einen Zusammenhang dieser drei Proteine im DNA-Reparatur-Signalweg zeigen [70]. Nukleolin konnte als einziges Protein in beiden Ansätzen, d.h. sowohl aus dem SDS-Gel als auch aus der tryptischen Spaltung der Eluate identifiziert werden. Nukleolin ist ein Phosphoprotein der Nukleoli, für das zahlreiche Funktionen in der Zelle beschrieben sind. Unter anderem ist bekannt, dass Nukleolin an der Ribosomen-Biogenese beteiligt ist [71], verschiedene RNAs binden kann [55,58,72,73] und in Zellproliferation und Apoptose involviert ist [74-76]. Des Weiteren ist Nukleolin in der Lage sich zwischen Nukleus, Zytoplasma und Zellmembran zu bewegen [54]. Auf der Zelloberfläche fungiert Nukleolin als Rezeptor für Wachstumsfaktoren [77], Viren [78] und Lipoproteine [79]. Eine Inhibition des Zelloberflächen-Nukleolin durch spezifische Peptide [80] oder Aptamere [81] führt zu einem Rückgang der Angiogenese und Zellproliferation in Tumoren. Ein Aptamer (Aptamer AS1411), welches Nukleolin spezifisch auf der Zelloberfläche bindet, befindet sich derzeit in klinischen Studien [82]. In Studien konnte auch bereits ein Zusammenhang zwischen Nukleolin und PARP-1 gezeigt werden. Borggrefe und Mitarbeiter konnten einen B-Zell spezifischen DNA Rekombinations-Komplex identifizieren, der sowohl Nukleolin als auch PARP-1 enthielt [83]. Darüberhinaus konnten Yanagida und Mitarbeiter einen Nukleolin und PARP-1 enthaltenden Ribonukleoprotein-Komplex aus Nierenzellen isolieren [84]. In diesem Komplex konnten auch Nukleophosmin und das heterogene Ribonukleoprotein A1 identifiziert werden, welche als

spezifische Interaktionspartner in der direkten Analyse der HDGF-Eluate gefunden wurden. Ebenfalls enthielt der Komplex die identifizierten ribosomalen Proteine. Nukleophosmin ist ebenfalls ein Phosphoprotein der Nukleoli und übernimmt -wie Nukleolin- Funktionen im Rahmen der Ribosomen-Biogenese. Des Weiteren kann sich Nukleophosmin, wie bereits für Nukleolin beschrieben, zwischen Nukleus, Zytoplasma und Zelloberfläche bewegen. Zusammen bilden Nukleophosmin und Nukleolin unter anderem einen Komplex mit K-Ras an der inneren Seite der Plasmamembran und tragen so zu K-RAS vermittelten Interaktionen im Rahmen des MAPK-Signalweges bei [85]. Auch für HDGF konnte bereits eine Beteiligung am MAPK-Signalweg gezeigt werden. Mao und Mitarbeiter konnten zeigen, dass eine verstärkte Expression von HDGF in einer Magenkarzinom-Zelllinie zu einer spezifischen Aktivierung von Erk 1/2 im MAPK-Signalweg führte [86].

Die Koreinigung von bereits identifizierten Proteinkomplexen zeigte, dass die Aufreinigung spezifisch bindender Proteine in diesem Ansatz erfolgreich war. Die massenspektrometrische Identifizierung von Ku86 und Nukleolin konnte auch anhand spezifischer Antikörper im Western Blot bestätigt werden (Abbildung 4-7). Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass im Rahmen dieser Arbeit neue bisher unbekannte Interaktionspartner von HDGF identifiziert werden konnten. Die Identifizierung aller Proteine erschien zunächst vielversprechend, da sie thematisch zu den für HDGF in der Literatur postulierten Daten passten. Aufgrund der Literaturlage zu Nukleolin und den äußerst zahlreichen Parallelen zu HDGF, sollte im weiteren Verlauf der Arbeit die Untersuchung zu HDGF und Nukleolin im Vordergrund stehen.

5.2 Untersuchungen zu HDGF und Nukleolin

Aufgrund der publizierten Daten für Nukleolin und HDGF waren zwei Ansätze für die Untersuchung der Interaktion von HDGF und Nukleolin als potentiell interessant anzusehen. Zum einen ist bekannt, dass HDGF als Wachstumsfaktor eine exogene proliferative Wirkung auf Zellen besitzt, die über

einen bisher unbekannten Rezeptor auf der Zelloberfläche vermittelt wird. Da Nukleolin als Rezeptor auf der Zelloberfläche für einige Wachstumsfaktoren wie z. B. Midkine publiziert ist, wäre die Untersuchung von Nukleolin als möglichem Oberflächenrezeptor für HDGF eine interessante Hypothese für weitere Untersuchungen gewesen. Des Weiteren ist ebenfalls eine Interaktion von HDGF und Nukleolin in der Zelle denkbar. Beide Proteine werden überwiegend im Zellkern exprimiert und haben Einfluss auf Vorgänge in der Zelle wie Proliferation und Apoptose. Daher ist die Untersuchung der Funktion eines HDGF-Nukleolin Proteinkomplexes in der Zelle ebenfalls äußerst interessant. Da der Ansatz der Arbeit die Identifizierung von Interaktionspartnern von HDGF in der Zelle darstellte und die Aufreinigungsstrategie ebenfalls für intrazelluläre Proteine optimiert wurde, sollte zunächst untersucht werden, ob es mögliche Bereiche in der Zelle gibt, die für eine Interaktion von HDGF und Nukleolin in Frage kommen. Daher sollten immunzytochemische Untersuchungen hinsichtlich der Lokalisation der beiden Proteine in der Zelle durchgeführt werden. Wie einleitend bereits erwähnt, wird HDGF aufgrund seiner zwei nukleären Lokalisationssignale in den meisten Zelltypen überwiegend im Nukleus exprimiert. Nukleolin ist hauptsächlich in den Nukleoli lokalisiert, kann aber zwischen Nukleus und Zytoplasma wechseln und wird auch an der Zelloberfläche exprimiert. Eine Untersuchung der endogenen Proteine in HeLa-Zellen zeigte, dass die Nukleolin-Lokalisation überwiegend auf die Nukleoli beschränkt war, es aber auch Bereiche im Nukleus gab, in denen sich sowohl HDGF als auch Nukleolin befinden. Überraschenderweise zeigte ein geringer Anteil Zellen eine zytoplasmatische Lokalisation sowohl für HDGF als auch Nukleolin (Abbildung 4-8). Die Transfektion einer cDNA, die für murines HDGF kodierte, zeigte ein vergleichbares Ergebnis (Abbildung 4-9). Um die zytoplasmatische Lokalisation der beiden Proteine genauer zu untersuchen, erfolgte die Transfektion einer cDNA, die für eine NLS 2-Mutante von HDGF kodierte. Die NLS 2-Mutante führt aufgrund einer Mutation im zweiten nukleären Lokalisationssignal (NLS 2) zu einer überwiegend zytoplasmatischen Lokalisation von HDGF. Sollte die Verteilung von Nukleolin und HDGF einander bedingen, sollte sich die subzelluläre Lokalisation von Nukleolin in Abhängigkeit

zur HDGF-Lokalisation verhalten. Tatsächlich korrelierte die zytoplasmatische HDGF Lokalisation mit der Lokalisation von endogenem Nukleolin (Abbildung 4-10). Für Nukleolin konnte im Gegensatz zu HDGF in Studien bereits gezeigt werden, dass es in der Lage ist, die subzelluläre Verteilung von Proteinen zu beeinflussen. So bindet Nukleolin an Stat1 und führt zur Translokation des Proteins aus dem Zellkern. Dieser Mechanismus spielt eine wichtige Rolle bei der Differenzierung von Monozyten zu Makrophagen [87]. Wie Dambara und Mitarbeiter zeigen konnten, ist eine Bindung von Nukleolin an das Protein GZF1 eine Voraussetzung für die nukleäre Lokalisation des Proteins und seine Funktion als Transkriptionsrepressor [88]. Auch für HDGF konnte bereits eine reprimierende Wirkung auf die Transkription gezeigt werden. Dabei bindet HDGF das C-terminale Bindeprotein (CtBP) und führt darüber zu einer Repression der Transkription des SMYD1-Gens [21]. Die Behandlung von Prostatakarzinomzellen mit einem Nukleolin-spezifischen Aptamer führte zur Translokation eines Komplexes bestehend aus Nukleolin und seinem Bindungspartner PRMT5 (Protein Arginin Methyltransferase 5) aus dem Nukleus ins Zytoplasma. Durch diese Umverteilung kommt es zur Aufhebung der Funktion von PRMT5 als Transkriptionsrepressor für seine Zielgene, wie z.B. Cyclin E2 [81]. Die Ergebnisse zur Lokalisation von HDGF und Nukleolin zeigten, dass es sowohl Bereiche im Zellkern als auch im Zytoplasma der Zelle gibt, in denen beide Proteine exprimiert werden und eine Komplexbildung möglich wäre. Darüberhinaus scheint HDGF, wenn auch unter artifiziellen Bedingungen, in der Lage zu sein, die subzelluläre Lokalisation von Proteinen, in diesem Fall von Nukleolin zu beeinflussen. Ob diese Beobachtung eine biologisch relevante Funktion besitzt, wurde in dieser Arbeit nicht weiter verfolgt und muss in weiteren Untersuchungen geklärt werden. Es ist abschließend festzustellen, dass dieses Ergebnis die Resultate aus Massenspektrometrie und Western Blot hinsichtlich einer spezifischen Interaktion der beiden Proteine bestärkt. Aufgrund der Ergebnisse aus der Immunzytochemie wäre zu erwarten gewesen, dass eine verstärkte zytoplasmatische Lokalisation von HDGF und Nukleolin zu einer erhöhten Menge des gebildeten Komplexes führt. Es zeigte sich jedoch, dass eine verstärkte zytoplasmatische Lokalisation der Proteine

aufgrund der Expression der NLS 2-Mutante von HDGF keinen Einfluss auf die Menge des kogereinigten Nukleolins hatte. Nicht auszuschließen ist auch, dass ein anderer Faktor, wie z.B. die Bcl-2 mRNA in diesem Fall limitierend ist und die Bildung des Komplexes daher nicht gesteigert werden kann. Dies spricht dafür, dass eine Komplexbildung schon im Zellkern stattfindet.

Während der Aufreinigung der HDGF-Proteinkomplexe fiel auf, dass je schneller und schonender die Aufreinigung durchgeführt wurde, desto besser die Ausbeute koreinigender Proteine im HDGF-Eluat war. Diese Beobachtung zusammen mit der Literaturlage zu Nukleolin führte zu der Arbeitshypothese, dass HDGF-Interaktionen auch RNA-assoziiert sein könnten. Nukleolin besitzt vier RNA-Bindedomänen [89] und ist in der Literatur als RNA-bindendes Protein beschrieben. Es konnte bereits gezeigt werden, dass Interaktionen von Nukleolin über eine RNA-Bindung vermittelt werden. So konnten Yanagida und Mitarbeiter zeigen, dass die Bindung von Nukleolin und einem Ribonukleoproteinkomplex im Nukleolus spezifisch über eine RNA-Bindedomäne von Nukleolin vermittelt wird [84]. Darüberhinaus konnten Padilla und Mitarbeiter nachweisen, dass eine Interaktion von Nukleolin mit dem Protein BIG1 im Nukleus durch Inkubation mit RNAse A vor der Aufreinigung verhindert werden konnte [56]. Sollte die Interaktion von HDGF und Nukleolin über RNA vermittelt werden, würde eine Inkubation der Lysate mit RNAse A vor der Aufreinigung die Koreinigung des Bindungspartners verhindern. Diese Hypothese konnte experimentell für die Interaktion von HDGF und Nukleolin im Western Blot bestätigt werden (Abbildung 4-13). Eine Koreinigung von Nukleolin wurde durch die Behandlung der Lysate mit RNAse A vollständig verhindert. Der Versuch zeigte deutlich, dass die Interaktion von HDGF und Nukleolin ebenfalls über RNA vermittelt wird. Da für Nukleolin eine Abhängigkeit seiner Protein-Interaktionen von RNA bereits gezeigt werden konnte, überraschte das Ergebnis im Hinblick auf Nukleolin nicht. Für HDGF liegen jedoch bis heute keine Daten zu Interaktionen mit RNA vor. Lediglich die Studie von Lepourcelet und Mitarbeitern postulierte nach Identifizierung von heterogenen Ribonukleoproteinen als Bindungspartner von HDGF eine

Beteiligung von HDGF in der RNA-Prozessierung [31]. Deswegen ist das Ergebnis im Hinblick auf mögliche Funktionen von HDGF sehr interessant, da hier zum ersten Mal gezeigt werden konnte, dass es einen funktionellen Zusammenhang zwischen HDGF und einer möglichen RNA-Bindung gibt.

5.3 Untersuchungen zu HDGF und Nukleolin in Abhängigkeit von Bcl-2

Aufgrund der Ergebnisse zur RNA-Abhängigkeit der Interaktion von HDGF und Nukleolin stellte sich im weiteren Verlauf der Arbeit die Frage, welche RNA für die Vermittlung der Interaktion der beiden Proteine verantwortlich ist. Beim Vergleich der Literatur für beide Proteine erschien vor allem eine RNA besonders interessant. Für Nukleolin konnte bereits in mehreren Studien eine Bindung an die 3'Untranslatierte Region (3'UTR) der Bcl-2 mRNA beschrieben werden [57-59]. Neben der gut untersuchten Interaktion von Nukleolin und der Bcl-2 mRNA gibt es auch in der HDGF-Literatur eine Verbindung zu Bcl-2. Liao und Mitarbeiter konnten einen Einfluss des HDGF-Proteinspiegels auf verschiedene Mitglieder der Bcl-2-Familie, insbesondere auch auf Bcl-2 zeigen. Eine verringerte HDGF-Expression (siRNA-Ansatz) führte dort zu einem erniedrigten Proteinspiegel von Bcl-2 [90]. Bcl-2 (B-Zell Lymphoma 2) ist das namensgebende Mitglied einer Familie von Proteinen, die eine wichtige Rolle im Rahmen des programmierten Zelltods, der Apoptose spielen. Die Proteinfamilie spaltet sich dabei in pro- und anti-apoptotisch wirksame Mitglieder auf. Bcl-2 ist dabei ein Protein mit anti-apoptotischer Wirkung und wurde zunächst in Zusammenhang mit der Entwicklung von B-Zell Lymphomen identifiziert. Bcl-2 vermittelt seine Wirkung im Zusammenhang der Apoptose über den mitochondrialen Signalweg [91]. Es konnte gezeigt werden, dass Nukleolin an ein Adenosin und Uracil-reiches Element (ARE) von 136 bp in der 3'UTR von Bcl-2 bindet und zusammen mit anderen Faktoren wie AUF1 für die Stabilisierung der Bcl-2 mRNA sorgt [58,59]. Um einen Zusammenhang zwischen der Bcl-2 mRNA und dem Proteinkomplex aus Nukleolin und HDGF zu

untersuchen, sollte der direkte Einfluss einer HDGF-Überexpression auf Bcl-2 untersucht werden. Um dies zu überprüfen, wurde HDGF in HeLa-Zellen überexprimiert und die Auswirkungen zunächst auf Ebene der Bcl-2 mRNA untersucht. Da das zelluläre Kompartiment der Bildung des Protein-RNA Komplexes unbekannt ist und sowohl der Zellkern als auch das Zytoplasma als Ort denkbar wären, wurde sowohl Wildtyp-HDGF (Expression überwiegend im Nukleus), als auch eine NLS 2-Mutante von HDGF (Expression überwiegend im Zytoplasma) für die weiteren Untersuchungen verwendet. Tatsächlich führte eine Überexpression von Wildtyp-HDGF und der NLS 2-Mutante zu keiner signifikant erhöhten Menge an Bcl-2 mRNA im Vergleich zu einer Kontrolle. Eine Erhöhung der Proteinmenge von Bcl-2 ließ sich bei beiden HDGF-Varianten ebenfalls nicht nachweisen (Abbildung 4-15). Diese Daten korrelierten mit neuesten Ergebnissen zu Nukleolin, für das gezeigt werden konnte, dass es neben dem Einfluss auf die Stabilität von mRNAs, vor allem durch eine erhöhte Anzahl an Polysomen zu einer verstärkten Translation spezifischer mRNAs beiträgt [92]. Ob die Bcl-2 mRNA tatsächlich als vermittelnde RNA für die Interaktion von HDGF und Nukleolin fungiert, sollte durch eine Behandlung von HEK 293-Zellen mit Paclitaxel gezeigt werden. In Studien konnte gezeigt werden, dass eine Behandlung mit Paclitaxel, einem Zytostatikum, welches zur Stabilisierung von Mikrotubuli und damit zum Zelltod führt, die Bcl-2 mRNA destabilisiert und damit die Bindung von Proteinen wie Nukleolin auf der 3'UTR der mRNA nicht mehr effizient ist [57]. Sollte also die Bcl-2 mRNA einen vermittelnden Effekt auf den Proteinkomplex ausüben, wäre eine verminderte Koreinigung von Nukleolin mit dem HDGF Strep-tag Protein zu erwarten. Tatsächlich konnte eine Reduktion der Koreinigung von Nukleolin gezeigt werden (Abbildung 4-14). Dieses Ergebnis führte zu einer weiteren Bestätigung der Hypothese, dass es sich um einen Protein-RNA Komplex handelt. Des Weiteren lieferte das Ergebnis einen ersten Hinweis darauf, dass es sich bei der Bcl-2 mRNA tatsächlich um eine beteiligte RNA dieses Komplexes handelt.

Eine interessante Fragestellung war nun, ob eine Erhöhung der Menge von

Bcl-2 auf mRNA oder Proteinebene eine Komplexbildung induzieren kann. Wenn man die Bcl-2 mRNA als wichtige Komponente des HDGF-Nukleolin Proteinkomplexes postuliert, würde man erwarten, dass es durch ein erhöhtes Angebot der mRNA in der Zelle zu einer verstärkten Komplexbildung kommt. Dafür wurde die Menge der Volllängen mRNA von Bcl-2, im Folgenden als VL bezeichnet, in HeLa-Zellen durch Transfektion erhöht. Tatsächlich konnte in diesen Proben eine verstärkte Koreinigung von Nukleolin mit HDGF Strep-tag im Vergleich zu einer Kontrolle (transfizierter Leervektor) beobachtet werden. Es wurde nun im weiteren Verlauf der Arbeit untersucht, ob dieser Effekt durch die mRNA oder im Zusammenhang mit dem gebildeten Bcl-2 Protein vermittelt wird. Dafür wurden verschiedene Deletionskonstrukte der Bcl-2 mRNA erzeugt und die Koreinigung von Nukleolin und HDGF bei einer vergleichbaren Menge an exprimiertem Bcl-2 Protein untersucht. Als erstes überraschendes Ergebnis konnte festgestellt werden, dass die kodierende Sequenz von Bcl-2 (cds) eine Koreinigung von Nukleolin vollständig verhinderte. Das Anhängen der 5'UTR bzw. der 3'UTR an die cds von Bcl-2 konnte diesen Effekt jedoch wieder aufheben. Schon der Anhang des ARE1-Elementes der 3'UTR, welches als Bindungsmotif für Nukleolin auf der Bcl-2 mRNA identifiziert werden konnte, reichte aus, um die Koreinigung von Nukleolin zu ermöglichen (Abbildung 4-18). Dieses Ergebnis deutete zunächst darauf hin, dass die mRNA alleine z.B. durch Bindung von Nukleolin an die 3'UTR zur Bildung des Komplexes beiträgt. Überraschend war daher, dass der Effekt einer Koreinigung auch mit der 5'UTR auftrat. In einer aktuellen Studie konnten Abdelmohsen und Mitarbeiter jedoch eine Bindung von Nukleolin an die 5'UTR neben der bereits bekannten Bindung an die 3'UTR der Bcl-2 mRNA zeigen [92]. Diese Untersuchungen bestätigten damit das Ergebnis dieser Arbeit und führten zu der Hypothese, dass Nukleolin sowohl auf der 5' als auch auf der 3'UTR der Bcl-2 mRNA bindet und dass über diese Bindung eine Interaktion von HDGF und Nukleolin vermittelt werden kann. Falls nur die 5' und 3'UTR an der Interaktion von HDGF und Nukleolin beteiligt sind, würde man erwarten, dass der Austausch der kodierenden Sequenz von Bcl-2 gegen die kodierende Sequenz eines anderen Proteins den gleichen Effekt wie das Volllängen-

Konstrukt von Bcl-2 bewirkt. Das würde bedeuten, dass die Koreinigung von Nukleolin im Vergleich zur Kontrolle erhöht sein sollte. Überraschenderweise konnten die Untersuchungen diese Hypothese nicht bestätigen. Der Austausch der kodierenden Sequenz von Bcl-2 gegen die kodierende Sequenz von SEAP (Sekretierte alkalische Phosphatase) konnte die Koreinigung von Nukleolin nicht steigern (Abbildung 4-19). Das Ergebnis deutet also darauf hin, dass neben der Bindung von Nukleolin an die 5' und 3'UTR, eine Bindung von HDGF an die cds von Bcl-2 notwendig ist, damit es zur effizienten Bildung des Protein-RNA Komplexes kommen kann. Um diese Hypothese zu verifizieren, müssen jedoch weitere Untersuchungen durchgeführt werden, die eine direkte Bindung von HDGF an die cds von Bcl-2 zeigen. Dies könnte durch Inkubation von biotinylierter RNA (Bcl-2 cds) mit Zelllysat sowie mit rekombinantem HDGF-Protein und anschließender Aufreinigung mit Strep-Tactin Beads nachgewiesen werden.

Wie bereits diskutiert, zeigte sich ein konträrer Zusammenhang von Bcl-2 Volllänge (VL) und der kodierenden Sequenz (cds) in Bezug auf die Koreinigung von Nukleolin. Daraus resultierte die Vorstellung, dass die Zusammensetzung der Komplexe in Abhängigkeit von den beiden Konstrukten unterschiedlich sein muss. Um dies näher zu untersuchen, wurden drei biologische Replikate von Eluaten der zwei Konstrukte (VL und cds) mit Hilfe eines LTQ-Orbitrap Massenspektrometers untersucht. Diese Daten wurden anschließend mit der MaxQuant-Software in Zusammenarbeit mit Dr. Sebastian Franken ausgewertet. Ziel dieser Untersuchung war es, das Muster an Interaktionspartnern der zwei Proben miteinander zu vergleichen. Die Darstellung der statistischen Auswertung erfolgte mit einem sogenannten Volcano-Plot, bei dem die statistisch signifikant angereicherten Proteine einer Probe, in diesem Fall der VL-Probe dargestellt sind (Abbildung 4-20). Wie zu erwarten, konnte Nukleolin als ein stark angereichertes Protein in dieser Probe identifiziert werden. Darüberhinaus fiel auf, dass ribosomale Proteine sowie Histone in der VL-Probe stark angereichert waren. Die Identifizierung ribosomaler Proteine war im Zusammenhang mit Nukleolin nicht überraschend,

da Nukleolin an der Biogenese und Reifung von Ribosomen beteiligt ist [71]. Wie bereits erwähnt, konnten Yanagida und Mitarbeiter einen Nukleolin-bindenden Ribonukleoproteinkomplex isolieren, der neben 40 ribosomalen auch 20 nicht-ribosomale Proteine enthielt. Hier konnten unter anderem auch Ku86 und PARP-1 identifiziert werden [84]. Aufgrund dieser Ergebnisse wäre es denkbar, dass HDGF und Nukleolin Teil eines Multiproteinkomplexes sind, der Ribosomen-assoziiert ist. Hinweise, dass HDGF einen Einfluss auf die Translation ausübt, gibt es bislang jedoch nicht.

Nukleolin bildet ebenfalls das Bindeglied für die interessante Identifikation von verschiedenen Histonen in der VL-Probe. Dies lässt sich mit der Rolle von Nukleolin im Rahmen der Transkription erklären. Studien postulieren eine Funktion von Nukleolin im Bereich der Transkription als Histon-Chaperon und Modellierer von Chromatin [93,94]. Histon-Chaperone sind verantwortlich für die dynamische Organisation von Chromatin-Matrizen, für die Translokation von Histonen in den Nukleus und sorgen für den Austausch und die Platzierung von Histonen auf dem DNA-Strang während der Replikations-abhängigen Chromatin-Bildung. Da 80 % des Genoms in Form von Chromatin vorliegt, muss es Faktoren geben, die eine Transkription trotz sterischer Barrieren in Form der Nukleosomen ermöglichen. Nukleolin bindet dabei direkt an Histon H2A-H2B-Dimere und erleichtert durch Einlagerung der Dimere in Tetrasomen die Bildung von Nukleosomen. Interessanterweise war Histon H2A eines der spezifisch angereicherten Proteine in der Analyse der HDGF-VL-Eluate in der LTQ-Orbitrap. Durch den dynamischen Effekt von Nukleolin auf den Ein-und Ausbau der H2A-H2B Dimere wird die Passage für die RNA-Polymerase durch die Nukleosomen und damit die Transkription erleichtert. Dieser Vorgang wurde eingehend am Protein FACT (Facilitates Chromatin transcription) untersucht [95]. Nukleolin werden daher FACT-ähnliche Eigenschaften zugesprochen [94]. Darüberhinaus ist auch eine Chromatin-Assoziation von HDGF bekannt. Die Sumoylierung von HDGF an Lysin 80 führt zu einem Verlust der Bindung von HDGF an Chromatin und scheint damit reguliert zu sein [49]. Eine Rolle für HDGF in der transkriptionellen Regulation wurde in einer Studie von Everett und

Mitarbeitern nachgewiesen. Die repressorische Wirkung auf die Transkription des SMYD1-Gens erfolgte dabei über die Bindung von HDGF an einen transkriptionellen Korepressor, das C-terminale Bindeprotein (CtBP) [21].

Erste Hinweise auf eine Regulation der HDGF-Histon Interaktion ergaben sich aus Experimenten mit Phosphorylierungsmutanten von HDGF. Wie einleitend bereits erwähnt, wird HDGF phosphoryliert und für eine Phosphorylierung an Serin 103 konnten bereits funktionelle Daten gezeigt werden [48]. Daher wurde der Einfluss verschiedener Phosphomutanten auf das Interaktionsmuster von HDGF untersucht. Tatsächlich konnte bei der Analyse der Phosphomutanten im Coomassie gefärbten SDS-Gel eine Anreicherung von Histonen festgestellt werden. Histon H2B Typ 1C , Histon H2A TypB sowie Histon H4 waren bei den Phosphomutanten von Serin 165 und Serin 202 im Vergleich zum Wildtyp HDGF stark angereichert (Abbildung 4-21). Dieses Ergebnis deutet auf eine regulatorische Komponente der Bindung von HDGF und Histonen über den Phosphorylierungsstatus von HDGF hin.

5.4 Bedeutung der identifizierten Interaktionspartner im Hinblick auf mögliche Funktionen von HDGF

Abschließend sollen die Bedeutung der identifizierten Interaktionspartner im Hinblick auf potentielle Funktionen von HDGF noch einmal zusammenfassend dargestellt werden. Dabei soll die Rolle von HDGF in Proteinkomplexen diskutiert und mögliche Modelle postuliert werden.

Die Interaktion von HDGF mit identifizierten Proteinen aus dem DNA-Reparatur Signalweg (Ku86, DNA-PKcs und PARP-1) könnte auf eine mögliche Funktion von HDGF im Rahmen der DNA-Reparatur hinweisen. Da eine funktionierende DNA-Reparatur-Machinerie essentiell für die Aufrechterhaltung der genomischen Stabilität ist, liegen in Tumoren häufig Störungen dieser Reparaturmechanismen vor. Werden Schäden der DNA wie z.B. Doppelstrangbrüche nicht mehr adäquat repariert, ist die Entwicklung von

Tumoren begünstigt [63]. Da HDGF eine Rolle in der Tumorentstehung bzw.-entwicklung zugesprochen wird, wäre eine Beteiligung HDGF-enthaltender Proteinkomplexe an DNA-Reparatur-Mechanismen denkbar. Eine Beteiligung von HDGF-Proteinkomplexen in Mechanismen der DNA-Reparatur erscheint sehr interessant und sollte in weitergehenden Untersuchungen näher analysiert werden.

Die in dieser Arbeit begonnene Charakterisierung der Interaktion von HDGF und Nukleolin führte zum postulierten Modell eines HDGF-Nukleolin-RNA Komplexes. Es konnte gezeigt werden, dass HDGF und Nukleolin über RNA miteinander interagieren. Als eine beteiligte RNA konnte dabei die Bcl-2 mRNA identifiziert werden. Aus Studien ist bereits bekannt, dass Nukleolin sowohl an die 5' als auch an die 3'UTR der Bcl-2 mRNA binden kann. Da aber die Interaktion von Nukleolin mit der UTR der Bcl-2 mRNA alleine nicht ausreichte, um eine effiziente Koreinigung von HDGF und Nukleolin zu bewirken und eine Expression der Bcl-2 cds alleine die Interaktion von Nukleolin und HDGF verhinderte, muss die logische Schlussfolgerung sein, dass HDGF auf der kodierenden Sequenz (cds) der Bcl-2 mRNA bindet. Für eine effiziente Interaktion von Nukleolin und HDGF muss demnach eine Bindung von Nukleolin auf der 5' oder 3' UTR sowie von HDGF auf der cds der Bcl-2 mRNA erfolgen. Dafür muss in weiteren Untersuchungen die direkte Bindung von HDGF an die cds von Bcl-2 gezeigt werden. Da es sich bei Bcl-2 um ein Schlüsselprotein des intrinsischen apoptotischen Signalweges handelt und sowohl für Nukleolin als auch für HDGF eine Beteiligung bei apoptotischen Vorgängen gezeigt werden konnte, erscheint der identifizierte Nukleolin-HDGF-Bcl-2 mRNA-Komplex äußerst interessant im Hinblick auf Vorgänge, die im Rahmen der Apoptose stattfinden. Weitere Untersuchungen sollen daher zeigen, ob dieser Komplex einen Einfluss auf den programmierten Zelltod ausübt.

Die transkriptionelle Regulation von Bcl-2 wurde in vielen wissenschaftlichen Ansätzen gut untersucht. Für HDGF konnte bereits ein regulatorischer Einfluss auf Transkriptionsebene für das SMYD1-Gen über Bindung an das c-terminale

Bindeprotein gezeigt werden [21]. Es ist daher nicht auszuschließen, dass die beobachtete Erniedrigung der Bcl-2 mRNA nach Gabe von inhibitorischen RNAs gegen HDGF auf einen transkriptionellen Kontrollmechanismus zurück zuführen ist. Neben der transkriptionellen Kontrolle wurde in verschiedenen Studien der post-transkriptionellen Regulation der Bcl-2 mRNA eine wichtige Rolle zugewiesen, bei der auch Nukleolin und seine Interaktionen mit den 5' und 3'UTRs eine zentrale Rolle spielt. Die hier erhobenen Daten lassen daher den Schluss zu, dass HDGF über eine Beteiligung an einem Nukleolin enthaltenden Ribonukleoproteinkomplex regulatorische Funktionen für Bcl-2 auf post-transkriptioneller Ebene übernimmt.

Aufgrund der ermittelten Daten ist es ebenfalls denkbar, dass es sich um einen HDGF-Nukleolin-RNA Komplex handelt, der neben der Bcl-2 mRNA noch weitere RNAs enthält. Auf Grundlage dieses postulierten Protein-RNA Modells sowie der Identifikation ribosomaler Proteine und Histone wäre eine Beteiligung des Komplexes sowohl an Transkriptions- als auch Translationsvorgängen denkbar. Aufgrund der Funktion von Nukleolin, die Anzahl an Polysomen und darüber die Translation spezifischer mRNAs zu steigern, wäre ein HDGF-Nukleolin-Komplex vorstellbar, der für die Translation spezifischer mRNAs wie z.B. Bcl-2 verantwortlich ist [92].

Da eine Komplexbildung höchstwahrscheinlich im Zellkern stattfindet, könnte es sich auch um einen Komplex handeln, der für den Transport spezifischer RNAs aus dem Kern ins Zytoplasma verantwortlich ist.

Abschließend lässt sich festhalten, dass es im Rahmen dieser Arbeit gelungen ist einen HDGF-Nukleolin-RNA Komplex zu isolieren, dessen genaue Funktion nun in weiteren Untersuchungen geklärt werden muss. Als Grundlage für weitere Analysen dient der in dieser Arbeit analysierte Mechanismus, über den die Interaktion von HDGF und Nukleolin über die Bcl-2 mRNA vermittelt wird.

Kürzlich konnte eine Arbeitsgruppe in einer Interaktom-Analyse von HDGF ebenfalls die in dieser Arbeit identifizierten Proteine PARP-1, DNA-PKcs, Nukleolin sowie Histone und ribosomale Proteine identifizieren [96]. Damit wurden die Ergebnisse dieser Arbeit hinsichtlich der Identifizierung der

Interaktionspartner von HDGF bestätigt. Funktionelle Daten wurden in der Publikation von Zhao und Mitarbeitern im Gegensatz zu dieser Arbeit jedoch nicht vorgestellt.

6 Zusammenfassung

Der Hepatoma-derived growth factor (HDGF) wird in vielen Tumoren verstärkt exprimiert. Die Höhe der Expression korreliert dabei in einigen Tumorarten, wie z.B. dem hepatozellulären Karzinom, mit einer schlechten Prognose für die Patienten. Daher wird HDGF in der Literatur als vielversprechender prognostischer Marker für diese Tumore eingeschätzt. Ob HDGF jedoch darüber hinaus auch eine Funktion in der Entstehung und dem Verlauf von Tumorerkrankungen zukommt, konnte bislang nicht ausreichend geklärt werden. Dies liegt unter anderem an dem fehlenden Verständnis der zellbiologischen Funktionen von HDGF. Das Ziel der vorgelegten Arbeit war daher die Identifizierung spezifischer Interaktionspartner und die Charakterisierung möglicher zellbiologischer Funktionen dieser Interaktionen.

HDGF-enthaltende Proteinkomplexe wurden zunächst über das Strep-tag/Strep-Tactin System angereichert. Kogereinigte Proteine wurden zur Identifizierung tryptisch gespalten und massenspektrometrisch analysiert. Über diesen Ansatz konnten Nukleolin, Ku86, PARP-1, die katalytische Untereinheit der DNA-PK sowie ribosomale Proteine und Histone als spezifische Interaktionspartner identifiziert werden. Im weiteren Verlauf wurde die Interaktion von HDGF und Nukleolin näher charakterisiert. Die Koreinigung von Nukleolin über das HDGF-Strep-tag/Strep-Tactin-System erwies sich dabei als abhängig von RNA. Da in vorhergehenden Studien bereits eine posttranskriptionelle Regulation der Expressionshöhe von Bcl-2, einem bekannten Onkogen, beschrieben wurde und auch für HDGF eine Wirkung auf die zelluläre Bcl-2 Menge nachgewiesen werden konnte, konzentrierten sich die weiteren Studien auf einen möglichen Zusammenhang zwischen Bcl-2 und dem neu identifizierten HDGF-Nukleolin-Komplex. Durch Expressionsstudien in einer Tumorzelllinie konnte im Folgenden nachgewiesen werden, dass eine Erhöhung der intrazellulären mRNA von Bcl-2 die Koreinigung von Nukleolin zusammen mit HDGF Strep-tag verstärkt. Experimente mit

Deletionskonstrukten dieser mRNA wiesen überraschenderweise nach, dass neben den untranslatierten Regionen, die auf Grund von früheren Studien schon bekannt für ihre regulatorische Funktion waren, auch die kodierende Region der Bcl-2 mRNA essentiell für eine effiziente Induktion der HDGF-Nukleolin-Komplexbildung ist.

Die im Rahmen dieser Arbeit erzielten Ergebnisse weisen daher auf eine mögliche Funktion von HDGF in der posttranskriptionellen Expressionskontrolle von Bcl-2 innerhalb eines Nukleolin-enthaltenden Ribonukleoproteinkomplexes hin und zeigen so einen neuen Ansatz auf, eine mögliche Beteiligung von HDGF an Prozessen währen der Entstehung und dem Verlauf von Tumoren zu erklären.

7 Literatur

1. Gstaiger M, Aebersold R. Applying mass spectrometry-based proteomics to genetics, genomics and network biology. *Nat. Rev. Genet*. 2009;10(9):617-627.

2. Schnable PS, Ware D, Fulton RS, et al. The B73 maize genome: complexity, diversity, and dynamics. *Science*. 2009;326(5956):1112-1115.

3. Rubin GM, Yandell MD, Wortman JR, et al. Comparative genomics of the eukaryotes. *Science*. 2000;287(5461):2204-2215.

4. Collins FS, Green ED, Guttmacher AE, Guyer MS. A vision for the future of genomics research. *Nature*. 2003;422(6934):835-847.

5. Stumpf MPH, Thorne T, de Silva E, et al. Estimating the size of the human interactome. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A*. 2008;105(19):6959-6964.

6. Wahl MC, Will CL, Lührmann R. The spliceosome: design principles of a dynamic RNP machine. *Cell*. 2009;136(4):701-718.

7. Schmeing TM, Ramakrishnan V. What recent ribosome structures have revealed about the mechanism of translation. *Nature*. 2009;461(7268):1234-1242.

8. Alber F, Dokudovskaya S, Veenhoff LM, et al. The molecular architecture of the nuclear pore complex. *Nature*. 2007;450(7170):695-701.

9. Phizicky EM, Fields S. Protein-protein interactions: methods for detection and analysis. *Microbiol. Rev*. 1995;59(1):94-123.

10. Bauer A, Kuster B. Affinity purification-mass spectrometry. Powerful tools for the characterization of protein complexes. *Eur. J. Biochem*. 2003;270(4):570-578.

11. Lichty JJ, Malecki JL, Agnew HD, Michelson-Horowitz DJ, Tan S. Comparison of affinity tags for protein purification. *Protein Expr. Purif*. 2005;41(1):98-105.

12. Skerra A, Schmidt TG. Use of the Strep-Tag and streptavidin for detection and purification of recombinant proteins. *Meth. Enzymol*. 2000;326:271-304.

13. Voss S, Skerra A. Mutagenesis of a flexible loop in streptavidin leads to higher affinity for the Strep-tag II peptide and improved performance in recombinant protein purification. *Protein Eng*. 1997;10(8):975-982.

14. Junttila MR, Saarinen S, Schmidt T, Kast J, Westermarck J. Single-step Strep-tag purification for the isolation and identification of protein complexes from mammalian cells. *Proteomics*. 2005;5(5):1199-1203.

15. Hafrén A, Hofius D, Rönnholm G, Sonnewald U, Mäkinen K. HSP70 and its cochaperone CPIP promote potyvirus infection in Nicotiana benthamiana by regulating viral coat protein functions. *Plant Cell*. 2010;22(2):523-535.

16. Nakamura H, Kambe H, Egawa T, et al. Partial purification and characterization of human hepatoma-derived growth factor. *Clin. Chim. Acta*. 1989;183(3):273-284.

17. Oliver JA, Al-Awqati Q. An endothelial growth factor involved in rat renal development. *J. Clin. Invest*. 1998;102(6):1208-1219.

18. Nakamura H, Izumoto Y, Kambe H, et al. Molecular cloning of complementary DNA for a novel human hepatoma-derived growth factor. Its homology with high mobility group-1 protein. *J. Biol. Chem*. 1994;269(40):25143-25149.

19. Everett AD, Stoops T, McNamara CA. Nuclear targeting is required for hepatoma-derived growth factor-stimulated mitogenesis in vascular smooth muscle cells. *J. Biol. Chem*. 2001;276(40):37564-37568.

20. Yang J, Everett AD. Hepatoma-derived growth factor binds DNA through the N-terminal PWWP domain. *BMC Mol. Biol*. 2007;8:101.

21. Yang J, Everett AD. Hepatoma-derived growth factor represses SET and MYND domain containing 1 gene expression through interaction with C-terminal binding protein. *J. Mol. Biol*. 2009;386(4):938-950.

22. Abouzied MM, Baader SL, Dietz F, et al. Expression patterns and different

subcellular localization of the growth factors HDGF (hepatoma-derived growth factor) and HRP-3 (HDGF-related protein-3) suggest functions in addition to their mitogenic activity. *Biochem. J*. 2004;378(Pt 1):169-176.

23. Dietz F, Franken S, Yoshida K, et al. The family of hepatoma-derived growth factor proteins: characterization of a new member HRP-4 and classification of its subfamilies. *Biochem. J*. 2002;366(Pt 2):491-500.

24. Everett AD, Lobe DR, Matsumura ME, Nakamura H, McNamara CA. Hepatoma-derived growth factor stimulates smooth muscle cell growth and is expressed in vascular development. *J. Clin. Invest*. 2000;105(5):567-575.

25. Hu T-H, Huang C-C, Liu L-F, et al. Expression of hepatoma-derived growth factor in hepatocellular carcinoma. *Cancer*. 2003;98(7):1444-1456.

26. Thakar K, Kröcher T, Savant S, et al. Secretion of hepatoma-derived growth factor is regulated by N-terminal processing. *Biol. Chem*. 2010;391(12):1401-1410.

27. Abouzied MM, El-Tahir HM, Prenner L, et al. Hepatoma-derived growth factor. Significance of amino acid residues 81-100 in cell surface interaction and proliferative activity. *J. Biol. Chem*. 2005;280(12):10945-10954.

28. Wang C-H, Davamani F, Sue S-C, et al. Cell surface heparan sulfates mediate internalization of the PWWP/HATH domain of HDGF via macropinocytosis to fine-tune cell signalling processes involved in fibroblast cell migration. *Biochem. J*. 2010;433(1):127-138.

29. Everett AD. Identification, cloning, and developmental expression of hepatoma-derived growth factor in the developing rat heart. *Dev. Dyn*. 2001;222(3):450-458.

30. Enomoto H, Yoshida K, Kishima Y, Okuda Y, Nakamura H. Participation of hepatoma-derived growth factor in the regulation of fetal hepatocyte proliferation. *J. Gastroenterol*. 2002;37 Suppl 14:158-161.

31. Lepourcelet M, Tou L, Cai L, et al. Insights into developmental mechanisms and cancers in the mammalian intestine derived from serial analysis of gene

expression and study of the hepatoma-derived growth factor (HDGF). *Development*. 2005;132(2):415-427.

32. Gallitzendoerfer R, Abouzied MM, Hartmann D, et al. Hepatoma-derived growth factor (HDGF) is dispensable for normal mouse development. *Dev. Dyn*. 2008;237(7):1875-1885.

33. Yamamoto T, Nakamura H, Liu W, et al. Involvement of hepatoma-derived growth factor in the growth inhibition of hepatocellular carcinoma cells by vitamin K(2). *J. Gastroenterol*. 2009;44(3):228-235.

34. Huang J-S, Chao C-C, Su T-L, et al. Diverse cellular transformation capability of overexpressed genes in human hepatocellular carcinoma. *Biochem. Biophys. Res. Commun*. 2004;315(4):950-958.

35. Yoshida K, Tomita Y, Okuda Y, et al. Hepatoma-derived growth factor is a novel prognostic factor for hepatocellular carcinoma. *Ann. Surg. Oncol*. 2006;13(2):159-167.

36. Okuda Y, Nakamura H, Yoshida K, et al. Hepatoma-derived growth factor induces tumorigenesis in vivo through both direct angiogenic activity and induction of vascular endothelial growth factor. *Cancer Sci*. 2003;94(12):1034-1041.

37. Everett AD, Narron JV, Stoops T, Nakamura H, Tucker A. Hepatoma-derived growth factor is a pulmonary endothelial cell-expressed angiogenic factor. *Am. J. Physiol. Lung Cell Mol. Physiol*. 2004;286(6):L1194-1201.

38. Tsang TY, Tang WY, Tsang WP, et al. Downregulation of hepatoma-derived growth factor activates the Bad-mediated apoptotic pathway in human cancer cells. *Apoptosis*. 2008;13(9):1135-1147.

39. Tsang TY, Tang WY, Tsang WP, et al. Mechanistic study on growth suppression and apoptosis induction by targeting hepatoma-derived growth factor in human hepatocellular carcinoma HepG2 cells. *Cell. Physiol. Biochem*. 2009;24(3-4):253-262.

40. Ren H, Chu Z, Mao L. Antibodies targeting hepatoma-derived growth factor

as a novel strategy in treating lung cancer. *Mol. Cancer Ther*. 2009;8(5):1106-1112.

41. Bernard K, Litman E, Fitzpatrick JL, et al. Functional proteomic analysis of melanoma progression. *Cancer Res*. 2003;63(20):6716-6725.

42. Hayashi E, Kuramitsu Y, Okada F, et al. Proteomic profiling for cancer progression: Differential display analysis for the expression of intracellular proteins between regressive and progressive cancer cell lines. *Proteomics*. 2005;5(4):1024-1032.

43. Yu Y, Shen H, Yu H, et al. Systematic proteomic analysis of human hepotacellular carcinoma cells reveals molecular pathways and networks involved in metastasis. *Mol Biosyst*. 2011;7(6):1908-1916.

44. Beausoleil SA, Jedrychowski M, Schwartz D, et al. Large-scale characterization of HeLa cell nuclear phosphoproteins. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A*. 2004;101(33):12130-12135.

45. Kim J-E, Tannenbaum SR, White FM. Global phosphoproteome of HT-29 human colon adenocarcinoma cells. *J. Proteome Res*. 2005;4(4):1339-1346.

46. Ali NA, Molloy MP. Quantitative phosphoproteomics of transforming growth factor-β signaling in colon cancer cells. *Proteomics*. 2011;11(16):3390-3401.

47. Clermont F, Gonzalez NS, Communi D, et al. HDGF is dephosphorylated during the early steps of endothelial cell apoptosis in a caspase-dependent way. *J. Cell. Biochem*. 2008;104(4):1161-1171.

48. Everett AD, Yang J, Rahman M, Dulloor P, Brautigan DL. Mitotic phosphorylation activates hepatoma-derived growth factor as a mitogen. *BMC Cell Biol*. 2011;12:15.

49. Thakar K, Niedenthal R, Okaz E, et al. SUMOylation of the hepatoma-derived growth factor negatively influences its binding to chromatin. *FEBS J*. 2008;275(7):1411-1426.

50. Prasad DD, Ouchida M, Lee L, Rao VN, Reddy ES. TLS/FUS fusion domain of TLS/FUS-erg chimeric protein resulting from the t(16;21) chromosomal

translocation in human myeloid leukemia functions as a transcriptional activation domain. *Oncogene*. 1994;9(12):3717-3729.

51. Chomczynski P, Sacchi N. Single-step method of RNA isolation by acid guanidinium thiocyanate-phenol-chloroform extraction. *Anal. Biochem*. 1987;162(1):156-159.

52. Laemmli UK. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. 1970;227(5259):680-685.

53. Wiśniewski JR, Zougman A, Nagaraj N, Mann M. Universal sample preparation method for proteome analysis. *Nat. Methods*. 2009;6(5):359-362.

54. Borer RA, Lehner CF, Eppenberger HM, Nigg EA. Major nucleolar proteins shuttle between nucleus and cytoplasm. *Cell*. 1989;56(3):379-390.

55. Chen CY, Gherzi R, Andersen JS, et al. Nucleolin and YB-1 are required for JNK-mediated interleukin-2 mRNA stabilization during T-cell activation. *Genes Dev*. 2000;14(10):1236-1248.

56. Padilla PI, Uhart M, Pacheco-Rodriguez G, et al. Association of guanine nucleotide-exchange protein BIG1 in HepG2 cell nuclei with nucleolin, U3 snoRNA, and fibrillarin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A*. 2008;105(9):3357-3361.

57. Bandyopadhyay S, Sengupta TK, Fernandes DJ, Spicer EK. Taxol- and okadaic acid-induced destabilization of bcl-2 mRNA is associated with decreased binding of proteins to a bcl-2 instability element. *Biochem. Pharmacol*. 2003;66(7):1151-1162.

58. Sengupta TK, Bandyopadhyay S, Fernandes DJ, Spicer EK. Identification of nucleolin as an AU-rich element binding protein involved in bcl-2 mRNA stabilization. *J. Biol. Chem*. 2004;279(12):10855-10863.

59. Ishimaru D, Zuraw L, Ramalingam S, et al. Mechanism of regulation of bcl-2 mRNA by nucleolin and A+U-rich element-binding factor 1 (AUF1). *J. Biol. Chem*. 2010;285(35):27182-27191.

60. Schmidt TGM, Skerra A. The Strep-tag system for one-step purification and high-affinity detection or capturing of proteins. *Nat Protoc*. 2007;2(6):1528-1535.

61. Trinkle-Mulcahy L, Boulon S, Lam YW, et al. Identifying specific protein interaction partners using quantitative mass spectrometry and bead proteomes. *J. Cell Biol*. 2008;183(2):223-239.

62. Collis SJ, DeWeese TL, Jeggo PA, Parker AR. The life and death of DNA-PK. *Oncogene*. 2005;24(6):949-961.

63. Khanna KK, Jackson SP. DNA double-strand breaks: signaling, repair and the cancer connection. *Nat. Genet*. 2001;27(3):247-254.

64. Espejel S, Martín M, Klatt P, et al. Shorter telomeres, accelerated ageing and increased lymphoma in DNA-PKcs-deficient mice. *EMBO Rep*. 2004;5(5):503-509.

65. Vogel H, Lim DS, Karsenty G, Finegold M, Hasty P. Deletion of Ku86 causes early onset of senescence in mice. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A*. 1999;96(19):10770-10775.

66. Tong WM, Cortes U, Wang ZQ. Poly(ADP-ribose) polymerase: a guardian angel protecting the genome and suppressing tumorigenesis. *Biochim. Biophys. Acta*. 2001;1552(1):27-37.

67. Takahashi S, Nakae D, Yokose Y, et al. Enhancement of DEN initiation of liver carcinogenesis by inhibitors of NAD+ ADP ribosyl transferase in rats. *Carcinogenesis*. 1984;5(7):901-906.

68. Epstein JH, Cleaver JE. 3-Aminobenzamide can act as a cocarcinogen for ultraviolet light-induced carcinogenesis in mouse skin. *Cancer Res*. 1992;52(14):4053-4054.

69. Masutani M, Nozaki T, Nishiyama E, et al. Function of poly(ADP-ribose) polymerase in response to DNA damage: gene-disruption study in mice. *Mol. Cell. Biochem*. 1999;193(1-2):149-152.

70. Espejel S, Klatt P, Ménissier-de Murcia J, et al. Impact of telomerase ablation on organismal viability, aging, and tumorigenesis in mice lacking the DNA repair proteins PARP-1, Ku86, or DNA-PKcs. *J. Cell Biol*. 2004;167(4):627-638.

71. Ginisty H, Amalric F, Bouvet P. Nucleolin functions in the first step of ribosomal RNA processing. *EMBO J*. 1998;17(5):1476-1486.

72. Bouvet P, Diaz JJ, Kindbeiter K, Madjar JJ, Amalric F. Nucleolin interacts with several ribosomal proteins through its RGG domain. *J. Biol. Chem*. 1998;273(30):19025-19029.

73. Miniard AC, Middleton LM, Budiman ME, Gerber CA, Driscoll DM. Nucleolin binds to a subset of selenoprotein mRNAs and regulates their expression. *Nucleic Acids Res*. 2010;38(14):4807-4820.

74. Mi Y, Thomas SD, Xu X, et al. Apoptosis in leukemia cells is accompanied by alterations in the levels and localization of nucleolin. *J. Biol. Chem*. 2003;278(10):8572-8579.

75. Grinstein E, Shan Y, Karawajew L, et al. Cell cycle-controlled interaction of nucleolin with the retinoblastoma protein and cancerous cell transformation. *J. Biol. Chem*. 2006;281(31):22223-22235.

76. Jiang B, Zhang B, Liang P, et al. Nucleolin/C23 mediates the antiapoptotic effect of heat shock protein 70 during oxidative stress. *FEBS J*. 2010;277(3):642-652.

77. Take M, Tsutsui J, Obama H, et al. Identification of nucleolin as a binding protein for midkine (MK) and heparin-binding growth associated molecule (HB-GAM). *J. Biochem*. 1994;116(5):1063-1068.

78. Bose S, Basu M, Banerjee AK. Role of nucleolin in human parainfluenza virus type 3 infection of human lung epithelial cells. *J. Virol*. 2004;78(15):8146-8158.

79. Semenkovich CF, Ostlund RE, Olson MO, Yang JW. A protein partially expressed on the surface of HepG2 cells that binds lipoproteins specifically is nucleolin. *Biochemistry*. 1990;29(41):9708-9713.

80. Nisole S, Krust B, Callebaut C, et al. The anti-HIV pseudopeptide HB-19 forms a complex with the cell-surface-expressed nucleolin independent of heparan sulfate proteoglycans. *J. Biol. Chem*. 1999;274(39):27875-27884.

81. Teng Y, Girvan AC, Casson LK, et al. AS1411 alters the localization of a complex containing protein arginine methyltransferase 5 and nucleolin. *Cancer Res*. 2007;67(21):10491-10500.

82. Bates PJ, Laber DA, Miller DM, Thomas SD, Trent JO. Discovery and development of the G-rich oligonucleotide AS1411 as a novel treatment for cancer. *Exp. Mol. Pathol*. 2009;86(3):151-164.

83. Borggrefe T, Wabl M, Akhmedov AT, Jessberger R. A B-cell-specific DNA recombination complex. *J. Biol. Chem*. 1998;273(27):17025-17035.

84. Yanagida M, Shimamoto A, Nishikawa K, et al. Isolation and proteomic characterization of the major proteins of the nucleolin-binding ribonucleoprotein complexes. *Proteomics*. 2001;1(11):1390-1404.

85. Inder KL, Lau C, Loo D, et al. Nucleophosmin and nucleolin regulate K-Ras plasma membrane interactions and MAPK signal transduction. *J. Biol. Chem*. 2009;284(41):28410-28419.

86. Mao J, Xu Z, Fang Y, et al. Hepatoma-derived growth factor involved in the carcinogenesis of gastric epithelial cells through promotion of cell proliferation by Erk1/2 activation. *Cancer Sci*. 2008;99(11):2120-2127.

87. Jerke U, Tkachuk S, Kiyan J, et al. Stat1 nuclear translocation by nucleolin upon monocyte differentiation. *PLoS ONE*. 2009;4(12):e8302.

88. Dambara A, Morinaga T, Fukuda N, et al. Nucleolin modulates the subcellular localization of GDNF-inducible zinc finger protein 1 and its roles in transcription and cell proliferation. *Exp. Cell Res*. 2007;313(17):3755-3766.

89. Ginisty H, Sicard H, Roger B, Bouvet P. Structure and functions of nucleolin. *J. Cell. Sci*. 1999;112 (Pt 6):761-772.

90. Liao F, Dong W, Fan L. Apoptosis of human colorectal carcinoma cells is induced by blocking hepatoma-derived growth factor. *Med. Oncol*. 2010;27(4):1219-1226.

91. Hockenbery D, Nuñez G, Milliman C, Schreiber RD, Korsmeyer SJ. Bcl-2 is an inner mitochondrial membrane protein that blocks programmed cell death.

Nature. 1990;348(6299):334-336.

92. Abdelmohsen K, Tominaga K, Lee EK, et al. Enhanced translation by Nucleolin via G-rich elements in coding and non-coding regions of target mRNAs. *Nucleic Acids Res*. 2011. Available at: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21737422. Accessed August 24, 2011.

93. Mongelard F, Bouvet P. Nucleolin: a multiFACeTed protein. *Trends Cell Biol*. 2007;17(2):80-86.

94. Angelov D, Bondarenko VA, Almagro S, et al. Nucleolin is a histone chaperone with FACT-like activity and assists remodeling of nucleosomes. *EMBO J*. 2006;25(8):1669-1679.

95. Orphanides G, LeRoy G, Chang CH, Luse DS, Reinberg D. FACT, a factor that facilitates transcript elongation through nucleosomes. *Cell*. 1998;92(1):105-116.

96. Zhao J, Yu H, Lin L, et al. Interactome study suggests multiple cellular functions of hepatoma-derived growth factor (HDGF). *J Proteomics*. 2011. Available at: http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21907836. Accessed September 18, 2011.

8 Anhang

8.1 Massenspektrometrie

8.1.1 Mascot Report-Listen der identifizierten Proteine aus der tryptischen Spaltung von Proteinen aus SDS-Gelen

Für die massenspektrometrischen Ergebnisse aus der ESI-Ionenfalle wurden sogenannte Mascot-Reports mit den Rohdaten der identifizierten Peptide im Analyse-Programm BioTools™ unter Verwendung des Mascot Algorhitmus 2.2.02 erzeugt. Für die Analyse der Proteine aus SDS-Gelen wurden die Daten der ersten 10 Proteine dargestellt. Für die Analyse der Proteine aus den Eluaten ohne vorherige Auftrennung im SDS-Gel wurden die ersten 20 Proteine dargestellt.

Abbildung 8-1: Mascot-Report für Ku86.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei Ku86 das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:30
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.d\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.mgf

Sequence Name:		Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008
MH+ (mono):	1.008				

Sequence data:

Intensity Coverage:	0.0 % (0 cnts)	Sequence Coverage MS:	0.0%
Sequence Coverage MS/MS:	0.0%	pI (isoelectric point):	0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

X-ray repair cross-complementing protein 5 OS=Homo sapiens GN=XRCC5 PE=1 SV=3 XRCC5_HUMAN

```
MVRSGNKAAVVLCMDVGFTMSNSIPGIESPFEQAKKVITMFVQRQVFAENKDEIALVLFGTDGTDNPLSGGDQYQNITVHRHLMLPDFDLLEDIESKIQPGSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGKKFEKRHIEIFTDL
SSRFSKSQLDIIIHSLKKCDISLQFFLPFSLGKEDGSGDRGDGPFRLGGHGPSFPLKGITEQQKEGLEIVKMVMISLEGEDGLDEIYSFSESLRKLCVFKKIERHSIHWPCRLTIGSNLSIRIAAYKSILQERVKKTW
TVVDAKTLKKEDIQKETVYCLNDDDETEVLKEDIIQGFRYGSDIVPFSKVDEEQMKYKSEGKCFSVLGFCKSSQVQRRFFMGNQVLKVFAARDDEAAAVALSSLIHALDDLDMVAIVRYAYDKRANPQVGVAFPHIKH
NYECLVYVQLPFMEDLRQYMFSSLKNSKKYAPTEAQLNAVDALIDSMSLAKKDEKTDTLEDLFPTTKIPNPRFQRLFQCLLHRALHPREPLPPIQQHIWNMLNPPAEVTTKSQIPLSKIKTLFPLIEAKKKDQVTAQE
IFQDNHEDGPTAKKLKTEQGGAHFSVSSLAEGSVTSVGSVNPAENFRVLVKQKKASFEEASNQLINHIEQFLDTNETPYFMKSIDCIRAFREEAIKFSEEQRFNNFLKALQEKVEIKQLNHFWEIVVQDGITLITKEE
ASGSSVTAEEAKKFLAPKDKPSGDTAAVFEEGGDVDDLLDMI
```

MW:82652.280
Digest Matches (Score: 113.08)
Score = 113.080000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = XRCC5_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 571 516.380 1031.614 253395.000 2+ 135.053 25 22 29.800 535 - 543 TLFPLIEAK
MSMS 298 370.617 1109.610 231497.000 3+ 204.073 16 12 25.200 185 - 195 LGGHGPSFPLK
MSMS 355 556.841 1112.562 118012.000 2+ 101.183 263 71 26.100 316 - 325 YGSDIVPFSK
MSMS 540 690.984 1380.689 63169.000 2+ 196.720 9 21 29.300 470 - 481 TDTLEDLFPTTK
MSMS 780 966.135 1930.947 100029.000 2+ 163.780 9 18 33.900 82 - 97 HLMLPDFDLLEDIESK 3: Oxidation (M)
MSMS 772 644.426 1930.947 100960.000 3+ 164.155 273 62 33.800 82 - 97 HLMLPDFDLLEDIESK 3: Oxidation (M)
MSMS 815 817.218 2449.264 42747.000 3+ 153.251 16 24 34.700 443 - 465 KYAPTEAQLNAVDALIDSMSLAK
MSMS 980 1018.612 3053.561 76437.000 3+ 85.251 13 37 39.200 98 - 125 IQPGSQQADFLDALIVSMDVIQHETIGK

Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN

```
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPGPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL
```

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 37.42)
Score = 37.420000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 177 441.783 882.516 35569.000 2+ 48.930 34 3 22.800 959 - 967 GVVGLPGQR
MSMS 295 581.360 1161.572 198179.000 2+ 121.146 94 37 25.100 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 45 847.955 1694.755 20295.000 2+ 87.153 8 14 18.100 287 - 304 GEPGSPGENGAPGQMGPR

Uncharacterized protein C6orf1 OS=Homo sapiens GN=C6orf1 PE=2 SV=2 CF001_HUMAN

```
MYRRKSGWTGCAITCSPCTAMTQLRNCMRLSRSCSLTWETPRWYMAGRVATSTSGCHCWMSRRDLTPLPHPSEPGVLDCLGPCHLLPLLSPGSPCWVLGLHFSLHPPSAASASHALTITSLPPGLLPFVGVELTAHPQ
ALMGRGFPSGMGAAGRHLCFL
```

MW:17101.350
Digest Matches (Score: 35.87)
Score = 35.870000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CF001_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 903 801.419 2402.072 189765.000 3+ 70.993 3 35 36.700 5 - 25 KSGWTGCAITCSPCTAMTQLR 7: Carbamidomethyl (C) 11: Carbamidomethyl (C) 14: Carbamidomethyl (C) 17: Oxidation (M)

Collagen alpha-1(XVIII) chain OS=Homo sapiens GN=COL18A1 PE=1 SV=5 COIA1_HUMAN

```
MAPYPCGCHILLLLFCCLAAARANLLNLNWLWFNNEDTSHAATTIPEPQGPLPVQPTADTTTHVTPRNGSTEPATAPGSPEPPSELLEDGQDTPTSAESPDAPEENIAGVGAEILNVAKGIRSFVQLWNDTVPTESLA
RAETLVLETPVGPLALAGPSSTPQENGTTLWPSRGIPSSPGAHTTEAGTLPAPTPSPPSLGRPWAPLTGPSVPPPSSGRASLSSLLGGAPPWGSLQDPDSQGLSPAAAAPSQQLQRPDVRLRTPLLHPLVMGSLGKHA
APSAFSSGLPGALSQVAVTTLTRDSGAWVSHVANSVGPGLANNSALLGADPEAPAGRCLPLPPSLPVCGHLGISRFWLPNHLHHESGEQVRAGARAWGGLLQTHCHPFLAWFFCLLLVPPCGSVPPPAPPPCCQFCEA
LQDACWSRLGGGRLPVACASLPTQEDGYCVLIGPAAERISEEVGLLQLLGDPPPQQVTQTDDPDVGLAYVFGPDANSGQVARYHPPSLFPRDFSLLPHIRPATEGPGVLPAITDSAQAMVLLGVKLSGVQDGHQDISL
LYTEPGAGQTHTAASFRLPAFVGQWTHLALSVAGGFVALYVDCEEFQRMPLARSSRGLELEPGAGLFVAQAGGADPDKFQGVIAELKVRRDPQVSPMHCLDEEGDDSDGASGDSGSGLGDARELLREETGAALKPRLP
APPPVTTPPLAGGSSTEDSRSEEVEEQTTVASLGAQTLPGSDSVSTWDGSVRTPGGRVKEGGLKGQKGEPGVPGPPGRAGPPGSPCLPGPPGLPCPVSPLGPAGPALQTVPGPQGPPGPPGRDGTPGRDGEPGDPGED
GKPGDTGPQGFPGTPGDVGPKGDKGDPGVGERGPPGPQGPPGPPGPSFRHDKLTFIDMEGSGFGGDLEALRGPRGFPGPPGPVGPGLPGEPGRFGVNSSDVPGPAGLPGVPGREGPPGFPGLPGPPGPPGREGPPGR
TGQKGSLGEAGAPGHKGSKGAPGPAGARGESGLAGAPGPAGPPGPPGPPGPGLPAGFDDMEGSGGPFWSTARSADGPQGPPGLPGLKGDPGVPGLPGAKGEVGADGVPGFPGLPGREGIAGPQGPKGDRGSRGEK
GDPGKDGVGQPGLPGPPGPPGPVVYVSEQDGSVLSVPGPEGRPGFAGFPGPAGPKGNLGSKGERGSPGPKGEKGEPGSIFSPDGALGPAQKGAKGEPGFRGPPGPYGRPGYKGEIGFPGRPGRPGMNGLKGEKGEPG
DASLGFGMRGMPGPPGPPGPPGPPGTPVYDSNVFAESSRPGPPGLPGNQGPPGPKGAKGEVGPPGPPGQFPPDFLQLEAEMKGEKGDRGDAGQKGERGEPGGGGFFGSSLPGPPGPPGPPGPRGYPGIPGPKGESIRG
QPGPPGPQGPPGIGYEGRQGPPGPPGPPGPPSFPGPHRQTISVPGPPGPPGPPGPPGTMGASSGVRLWATRQAMLGQVHEVPEGWLIFVAEQEELYVRVQNGFRKVQLEARTPLPRGTDNEVAALQPPVVQLHDSNPY
PRREHPHPTARPWRADDILASPPRLPEPQPYPGAPHHSSYVHLRPARPTSPPAHSHRDFQPVLHLVALNSPLSGGMRGIRGADFQCFQQARAVGLAGTFRAFLSSRLQDLYSIVRRADRAAVPIVNLKDELLFPSWEA
LFSGSEGPLKPGARIFSFDGKDVLRHPTWPQKSVWHGSDPNGRRLTESYCETWRTEAPSATGQASSLLGGRLLGQSAASCHHAYIVLCIENSFMTASK
```

MW:178077.110
Digest Matches (Score: 35.34)
Score = 35.340000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = COIA1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 849 856.537 2568.288 67529.000 3+ -269.196 5 35 35.500 1419 - 1446 QTISVPGPPGPPGPPGPPGTMGASSGVR 21: Oxidation (M)

Uncharacterized protein C6orf10 OS=Homo sapiens GN=C6orf10 PE=1 SV=3 CF010_HUMAN

```
MTVLEITLAVILTLLGLAILAILLTRWARCKQSEMYISRYSSEQSARLLDYEDGRGSRHAYSTQSDTSYDNRERSKRDYTPSTNSLVSMASKFSLGQTELILLLMCFILALSRSSIGSIKCLQTTEEPPSRTAGAMMQ
```

BioTools Version 3.1 Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH Page -1-

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:30
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.d\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.mgf

FTAPIPGATGPIKLSQKTIVQTPGPIVQYPGSNAGPPSAPRGPPMAPIIISQRTARIPQVHTMDSSGKITLTPVVILTGYMDEELAKKSCSKIQILKCGGTARSQNSREENKEALKNDIIFTNSVESLKSAHIKEPER
EGKGTDLEKDKIGMEVKVDSDAGIPKRQETQLKISEMSIPQGQGAQIKKSVSDVPRGQESQVKKSESGVPKGQEAQVTKSGLVVLKGQEAQVTKSGLVVLKGQEAQVKKRESVVLKGQEAQVE
KSELKVPKGQEGQVEKTEADVPKEQEVQEKKSEAGVLKGPESQVKNTEVSVPETLESQVKKSESGVLKGQEAQEKKESFEDKGNNDKEKERDAEKDPNKKEKGDKNTKGDKGKDKVKGKRESEINGEKSKGSKRAKAN
TGRKYNKKVEE

MW:61588.100
Digest Matches (Score: 30.43)
Score = 30.430000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = CF010_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 944 654.153 1960.003 47791.000 3+ 225.311 5 30 38.000 132 - 151 TAGAMMQFTAPIPGATGPIK
Potassium/sodium hyperpolarization-activated cyclic nucleotide-gated channel 1 OS=Homo sapiens GN=HCN1 PE=2 SV=3 HCN1_HUMAN
MEGGGKPNSSSNSRDDGNSVFPAKASATGAGPAAAEKRLGTPPGGGGAGAKEHGNSVCFKVDGGGGGGGGGGGEEPAGGFEDAEGPRRQYGFMQRQFTSMLQPGVNKFSLRMFGSQKAVEKEQERVKTAGFWIIHPY
SDFRFYWDLIMLIMMVGNLVIIPVGITFFTEQTTTPWIIFNVASDTVFLLDLIMNFRTGTVNEDSSEIILDPKVIKMNYLKSWFVVDFISSIPVDYIFLIVEKGMDSEVYKTARALRIVRFTKILSLLRLLRLSRLIR
YIHQWEEIFHMTYDLASAVVRIFNLIGMMLLLCHWDGCLQFLVPLLQDFPPDCWVSLNEMVNDSWGKQYSYALFKAMSHMLCIGYGAQAPVSMSDLWITMLSMIVGATCYAMFVGHATALIQSLDSSRRQYQEKYKQV
EQYMSFHKLPADMRQKIHDYYEHRYQGKIFDEENILNELNDPLREEIVNFNCRKLVATMPLFANADPNFVTAMLSKLRFEVFQPGDYIIREGAVGKKMYFIQHGVAGVITKSSKEMKLTDGSYFGEICLLTKGRRTAS
VRADTYCRLYSLSVDNFNEVLEEYPMMRRAFETVAIDRLDRIGKKNSILLQKFQKDLNTGVFNNQENEILKQIVKHDREMVQAIAPINYPQMTTLNSTSSTTTPTSRMRTQSPPVYTATSLSHSNLHSPSPSTQTPQP
SAILSPCSYTTAVCSPPVQSPLAARTFHYASPTASQLSLMQQQPQQQVQQSQPPQTQPQQPSPQPQTPGSSTPKNEVHKSTQALHNTNLTREVRPLSASQPSLPHEVSTLISRPHPTVGESLASIPQPVTAVPGTGLQ
AGGRSTVPQRVTLFRQMSSGAIPPNRGVPPAPPPPAAALPRESSSVLNTDPDAEKPRFASNL

MW:98732.770
Digest Matches (Score: 28.07)
Score = 28.070000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = HCN1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 90 786.764 2358.982 26930.000 3+ -298.714 13 28 20.500 61 - 88 VDGGGGGGGGGGGGGEEPAGGFEDAEGPR
MSMS 78 786.819 2358.982 29414.000 3+ -228.739 14 6 20.000 61 - 88 VDGGGGGGGGGGGGGEEPAGGFEDAEGPR
MSMS 425 807.554 2420.209 95876.000 3+ 181.162 9 10 27.300 439 - 458 YQGKIFDEENILNELNDPLR
E3 ubiquitin-protein ligase UHRF1 OS=Homo sapiens GN=UHRF1 PE=1 SV=1 UHRF1_HUMAN
MWIQVRTMDGRQTHTVDSLSRLTKVEELRRKIQELFHVEPGLQRLFYRGKQMEDGHTLFDYEVRLNDTIQLLVRQSLVLPHSTKERDSELSDTDSGCCLGQSESDKSSTHGEAAAETDSRPADEDMWDETELGLYKVN
EYVDARDTNMGAWFEAQVVRVTRKAPSRDEPCSSTSRPALEEDVIYHVKYDDYPENGVVQMNSRDVRARARTIIKWQDLEVGQVVMLNYNPDNPKERGFWYDAEISRKRETRTARELYANVVLGDDSLNDCRIIFVDE
VFKIERPGEGSPMVDNPMRRKSGPSCKHCKDDVNRLCRVCACHLCGGRQDPDKQLMCDECDMAFHIYCLDPPLSSVPSEDEWYCPECRNDASEVKLAGERLRESKKKAMASATSSSQRDWGKGMACVGRTKECTIVP
SNHYGPIPGIPVGTMWRFRVQVSESGVHRPHVAGIHGRSNDGAYSLVLAGGYEDDVDHGNFFTYTGSGGRDLSGNKRTAEQSCDQKLTNTNRALALNCFAPINDQEGAEAKDWRSGKPVRVVRNVKGGKNSKYAPAEG
NRYDGIYKVVKYWPEKGKSGFLVWRYLLRRDDDEPGPWTKEGKDRIKKLGLTMQYPEGYLEALANEREKENSKREEEEQQEGGFASPRTGKGKWKRKSAGGGPSRAGSPRRTSKKTKVEPYSLTAQQSSLIREDKSN
AKLWNEVLASLKDRPASGSPFQLFLSKVEETFQCICCQELVFRPITTVCQHNVCKDCLDRSFRAQVFSCPACRYDLGRSYAMQVNQPLQTVLNQLFPGYGNGR

MW:89757.030
Digest Matches (Score: 19.85)
Score = 19.850000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = UHRF1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 984 763.534 763.377 42816.000 1+ 206.342 3 19 39.300 297 - 303 KSGPSCK 6: Carbamidomethyl (C)
Dystonin OS=Homo sapiens GN=DST PE=1 SV=4 DYST_HUMAN
MAGYLSPAAYLYVEEQEYLQAYEDVLERYKDERDKVQKKTFTKWINQHLMKVRKHVNDLYEDLRDGHNLISLLEVLSGDTLPREKGRMRFHRLQNVQIALDYLKRRQVKLVNIRNDDITDGNPKLTLGLIWTIILHFQ
ISDIHVTGESEDMSAKERLLLWTQQATEGYAGIRCENFTTCWRDGKLFNAIIHKYRPDLIDMNTVAVQSNLANLEHAFYVAEKIGVIRLLDPEDVDVSSPDEKSVITYVSSLYDAFPKVPEGGEIGANDVEVKWIEY
QNMVNYLIQWIRHHVTTMSERTFPNNPVELKALYNQYLQFKETEIPPKETEKSKIKRLYKLLEIWIEFFGRIKLLQGYHPNDIEKEWGKLIIAMLEREKALRPEVERLEMLQQIANRVQRDSVICEDKLILAGNALQSD
SKKLESGVQFQNEAEIAGYILECENLLRQHVIDVQILLIDGKYYQADQLVQRVAKLRDEIMALRNECSSVYSKGRILTTEQTKLMISGITQSLNSGFAQTLHPSLTSGLTQSLTPSLTSSSMTSGLSSGMTSRLTPSVT
PAYTPGFPSGLVPNFSSGVEPNSLQTLKLMQIRKPLLKSSLLDQNLTEEEINMKFVQDLLNWVDEMQVQLDRTEWGSDLPSVESHLENHKNVHRAIEEFESSLKEAKISEIQMTAPLKLTYAEKLHRLESQYAKLLNT
SRNQERHLDTLHNFVSRATNELIWLNEKEEEEEVAYDWSERNTNIARKKDYHAELMRELDQKEENIKSVQEIAEQLLLENHPARLTIEAYRAAMQTQWSWILQLCQCVEQHIKENTAYFEFFNDAKEATDYLRNLKDAI
QRKYSCDRSSSIHKLEDLVQESMEEKEELLQYKSTIANLMGKAKTIIQLKPRNSDCPLKTSIPIKAICDYRQIEITIYKDDECVLANNSHRAKWKVISPTGNEAMVPSVCFTVPPPNKEAVDLANRIEQQYQNVLTLW
HESHINMKSVVSWHYLINEIDRIRASNVASIKTMLPGEHQQVLSNLQSRFEDFLEDSQESQVFSGSDITQLEKEVNVCKQYYQELLKSAEREEQEESVYNLYISEVRNIRLRLENCEDRLIRQIRTPLERDDLHESVF
RITEQEKLKKELERLKDDLGTITNKCEEFFSQAAASSSVPTLRSELNVVLQNMNQVYSMSSTYIDKLKTVNLVLKNTQAAEALVLYETKLCEEEAVIADKNNIENLISTLKQWRSEVDEKRQVFHALEDELQKAKAI
SDEMFKTYKERDLDFDWHKEKADQLVERWQNVHVQIDNRLRDLEGIGKSLKYYRDTYHPLDDWIQQVETTQRKIQENQPENSKTLATQLNQQKMLVSEIEMKQSKMDECQKYAEQYSATVKDYELQTMTYRAMVDSQQ
KSPVKRRRMQSSADLIIQEFMDLRTRYTALVTLMTQYIKFAGDSLKRLEEEEKSLEEEKKEHVEKAKELQKWVSNISKTLKDAEKAGKPPFSKQKISSEEISTKKEQLSEALQTIQLFLAKHGDKMTDEERNELEKQV
KTLQESYNLLFSESLKQLQESQTSGDVKVEEKLDKVIAGTIDQTTGEVLSVFQAVLRGLIDYDTGIRLLETQLMISGLISPELRKCFDLKDAKSHGLIDEQILCQLKELSKAKEIISAASPTTIPVLDALAQSMITES
MAIKVLEILLSTGSLVIPATGEQLTLQKAFQQNLVSSALFSKVLERQNMCKDLIDPCTSEKVSLIDMVQRSTLQENTGMWLLPVRPQEGGRITLKCGRNISILRAAHEGLIDRETMFRLLSAQLLSGGLINSNSGQRM
TVEEAVREGVIDRDTASSILTYQVQTGGIIQSNPAKRLTVDEAVQCDLITSSSALLVLEAQRGYVGLIWPHSGEIFPTSSSLQQELITNELAYKILNGRQKIAALYIPESSQVIGLDAAKQLGIIDNNTASILKNITL
PDKMPDLGDLEACKNARRWLSFCKFQPSTVHDYRQEEDVFDGEEPVTTQTSEETKKLFLSYLMINSYMDANTGQRLLLYDGDLDEAVGMLLEGCHAEFDGNTAIKECLDVLSSSGVFLNNASGREKDECTATPSSFNK
CHCGEPEHEETPENRKCAIDEEFNEMRNTVINSEFSQSGKLASTISIDPKVNSSPSVCVPSLISYLTQTELADISMLRSDSENILTNYENQSRVETNERANECSHSKNIQNFPSDLIENPIMKSKMSKFCGVNETENE
DNTNRDSPIFDYSPRLSALLSHDKLMHSQGSFNDTHTPESNGNKCEAPALSFSDKTMLSGQRIGEKFQDQFLGIAAINISLPGEQYGQKSLNMISSNPQVQYHNDKYISNTSGEDEKTHPGFQQMPEDKEDESEIEEY
SCAVTPGGDTDNAIVSLTCATPLLDETISASDYETSLLNDQQNNTGTDTDSDDDFYDTPLFEDDDHDSLLLDGDDRDCLHPEDYDTLQEENDETASPADVFYDVSKENENSMVPQGAPVGSLSVKNKAHCLQDFLMDV
EKDELDSGEKIHLNPVGSDKVNGQSLETGSERECTNILEGDESDSLTDYDIVGGKESFTASLKFDDSGSWRGRKEEYVTGQEFHSDTDHLDSMQSEESYGDYIYDSNDQDDDDDDGIDEEGGGIRDENGKPRCQNVAE
DMDIQLCASILNENSDENENINTMILLDKMHSCSSLEKQQRVNVVQLASPSENNLVTEKSNLPEYTTEIAGKSKENLLNHEMVLKDVLPPIIKDTESEKTFGPASISHDNNNISSTSELGTDLANTKVKLIQGSELPE
LTDSVKGKDEYFKNMTPKVDSSLDHIICTEPDLIGKPAEESHLSLIASVTDKDPQGNGSDLIKGRDGKSDILIEDETSIQKMYLGEGEVLVEGLVEEENRHLKLLPGKNTRDSFKLINSQFPFPQITNNEELNQKGSL
KKATVTLKDEPNNLQIIVSKSPVQFENLEEIFDTSVSKEISDDITSDITSWEGNTHFEESFTDGPEKELDLFTYLKHCAKNIKAKDVAKPNEDVPSHVLITAPPMKEHLQLGVNNTKEKSTSTQKDSPLNDMIQSNDL
CSKESISGGGTEISQFTPESIEATLSILSRKHVEDVGKNDFLQSERCANGLGNDNSSNTLNTDYSFLEINNKKERIEQQLPKEQALSPRSQEKEVQIPELSQVFVEDVKDILKSRLKEGHMNPQEVEEPSACADTKIL
IQNLIKRITTSQLVNEASTVPSDSQMSDSSGVSPMTNSSELKPESRDDPFCIGNLKSELLLNILKQDQHSQKITGVFELMRELTHMEYDLEKRGITSKVLPLQLENIFYKLLADGYSEKIEHVGDFNQKACSTSEMME
EKPHILGDIKSKEGNYYSPNLETVKEIGLESSTVWASTLPRDEKLKDLCNDFPSHLECTSGSKEMASGDSSTEQFSSELQQCLQHTEKMHEYLTLLQDMKPPLDNQESLDNNLEALKNQLRQLETFELGLAPIAVILR
KDMKLAEEFLKSLPSDFPRGHVEELSISHQSLKTAFSSLSNVSSERTKQIMLAIDSEMSKLAVSHEEFLHKLKSFSDWVSEKSKSVKDIEIVNVQDSEYVKKRLEFLKNVLKDLGHTKMQLETTAFDVQFFISEYAQD
LSPNQSKQLLRLLNTTQKCFLDVQESVTTQVERLETQLHLEQDLDDQKIVAERQQEYKEKLQGICDLLTQTENRLIGHQEAFMIGDGTVELKKYQSKQEELQKDMQGSAQALAEVVKNTENFLKENGEKLSQEDKALI
EQKLNEAKIKCEQLNLKAEQSKKELDKVVTTAIKEETEKVAAVKQLEESKTKIENLLDWLSNVDKDSERAGTKHKQVIEQNGTHFQEGDGKSAIGEEDEVNGNLLETDVDGQVGTTQENLNQQYQKVKAQHEKIISQH
QAVIIATQSAQVLLEKQGQYLSPEEKEKLQKNMKELKVHYETALAESEKKMKLTHSLQELEKKFDADYTEFEHWLQQSEQELRNLEAGADDINGLMTKLKRQKSFSEDVISHKGDLRYITISQNRVLEAAKSCSKRDG
GKVDTSATHREVQRKLDHATDRFRSLYSKCNVLGNNLKDLVDKYQHYEDASCGLLAGLQACEATASKHLSEPIAVDPPKNLQRQLEETKALQGQISSQQVAVEKLKKTAEVLLDARGSLLPAKNDIQKTLDDIVGRYED
LSKSVNERNEKLQITLTRSLSVQDGLDEMLDWMGNVESSLKEQGQVPLNSTALQDIISKNIMLEQDIAGRQSSINAMNEKVKKFMETTDPSTASSLQAKMKDLSARFSEASHKHKETLAKMEELKTKVELFENLSEKL
QTFLETKTQALTEVDVPGKDVTELSQYMQESTSEFLEHKKHLEVLHSLLKEISSHGLPSDKALVLEKTNNLSKKFKEMEDTIKEKKEAVTSCQEQLDAFQVLVKSLKSWIKETTKKVPIVQPSFGAEDLGKSLEDTKK
LQEKWSLKTPEIQKVNNSGISLCNLISAVTTPAKAIAAVKSGGAVLNGEGTATNTEEFWANKGLTSIKKDMTDISHGYEDLGLLLKDKIAELNTKLSKLQKAQEESSAMMQWLQKMNKTATKWQQTPAPTDTEAVKTQ
VEQNKSFEAELKQNVNKVQELKDKLTELLEENPDTPEAPRWKQMLTEIDSKWQELNQLTIDRQQKLEESSNNLTQFQTVEAQLKQWLVEKELMVSVLGPLSIDPNMLNTQRQQVQILLQEFATRKPQYEQLTAAGQGI
LSRPGEDPSLRGIVKEQLAAVTQKWDSLTGQLSDRCDWIDQAIVKSTQYQSLLRSLSDKLSDLDNKLSSSLAVSTHPDAMNQQLETAQKMKQEIQQEEKKQIKVAQALCEDLSALVKEEYLKAELSRQLEGILKSFKDV
EQKAENHVQHLQSACASSHQFQQMSRDFQAWLDTKKEEQNKSHPISAKLDVLESLIKDHKDFSKTLTAQSHMYEKTIAEGENLLLKTQGSEKAALQLQLNTIKTNWDTFNKQVKERENKLKESLEKALKYKEQVETLW
PWIDKCQNNLEEIKFCLDPAEGENSIAKLKSLQKEMDQHFGMVELLNNTANSLLSVCEIDKEVVTDENKSLIQKVDMVTEQLHSKKFCLENMTQKFKEFQEVSKESKRQLQCAKEQLDIHDSLGSQAYSNKYLTMLQT
QQKSLQALKHQVDLAKRLAQDLVVEASDSKGTSDVLLQVETIAQEHSTLSQQVDEKCSFLETKLQGIGHFQNTIREMFSQFAEFDDELDSMAPVGRDAETLQKQKETIKAFLKKLEALMASNDNANKTCKMMLATEET
SPDLVGIKRDLEALSKQCNKLLDRAQAREEQVEGTIKRLEEFYSKLKEFSILLQKAEEHEESQGPVGMETETINQQLNMFKVFQKEEIEPLQGKQQDVNWLGQGLIQSAAKSTSTQGLEHDLDDVNARWKTLNKKVAQ
RAAQLQEALLHCGRFQDALESLLSWMVDTEELVANQKPPSAEFKVVKAQIQEQKLLQRLLDDRKSTVEVIKREGEKIATTAEPADKVKILKQLSLLDSRWEALLNKAETRNRQLEGISVVAQQFHETLEPLNEWLTTI
EKRLVNCEPIGTQASKLEEQIAQHKALEDDIINHNKHLHQAVSIGQSLKVLSSREDKDMVQSKLDFSQVWYIEIQEKSHSRSELLQQALCNAKIFGEDEVELMNWLNEVHDKLSKLSVQDYSTEGLWKQQQSELRVLQE
DILLRKQNVDQALLNGLELLKQTTGDEVLIIQDKLEAIKARYKDITKLSTDVAKTLEQAQLARLHSTHEELCTWLDKVEVELLSYETQVLKGEEASQAQMRPKELKKEAKNNKALLDSLNEVSSALLELVPWRARE
GLEKMVAEDNERYRLVSDTITQKVEEIDAAILRSQQFDQAADAELSWITETEKKLMSLGDIRLEQDQTSAQLQVQKTFTMEILRHKDIIDDLVKSGHKIMTACSEEEKQSMKKKLDKVLKNYDTICQINSERYLQLER
AQSLVNQFWETYEELWPWLTETQSIISQLPAPALEYETLRQQQEEHRQLRELIAEHKPHIDKMNKTGPQLLELSPGEGFSIQEKYVAADTLYSQIKEDVKKRATGVALDEAISQSTQFHDKIDQILESLERIVERLRQPP
SISAEVEKIKEQISENKNVSVDMEKLQPLYETLKQRGEEMIARSGGTDKDISAKAVQDKLDQMVFIWENIHTLVEEREAKLLDVMELAEKFWCDHMSLIVTIKDTQDFIRDLEDPGIDPSVVKQQQEAAETIREEIDG
LQEELDIVINLGSELIAACGEPDKPIVKKSIDELNSAWDSLNKAWKDRIDKLEEAMQAAVQYQDGLQAVFDWVDIAGGKLASMSPIGTDLETVKQQIEELKQFKSEAYQQQIEMERLNHQAELLLKKVTEESDKHTVQ
DPLMELKLIWDSLEERIINRQHKLEGALLALGQFQHALDELLAWLTHTEGLLSEQKPVGGDPKAIEIELAKHHVLQNDVLAHQSTVEAVNKAGNDLIESSAGEEASNLQNKLEVLNQRWQNVLEKTEQRKQQLDGALR
QAKGFHGEIEDLQQWLTDTERHLLASKPLGGLPETAKEQLNVHMEVCAAFEAKEETYKSLMQKGQQMLARCPKSAETNIDQDINNLKEKWESVETKLNERKTKLEEALNLAMEFHNSLQDFINWLTQAEQTLNVASRP
SLILDTVLFQIDEHKVFANEVNSHREQIIELDKTGTHLKYFSQKQDVVLIKNLLISVQSRWEKVVQRLVERGRSLDDARKRAKQFHEAWSKLMEWLEESEKSLDSELEIANDPDKIKTQLAQHKEFQKSLGAKHSVYD
TTNRTGRSLKEKTSLADDNLKLDDMLSELRDKWDTICGKSVERQNKLEEALLFSGQFTDALQALIDWLYRVEPQLAEDQPVHGDIDLVMNLIDNHKAFQKELGKRTSSVQALKRSARELIEGSRDDSSWVKVQMQELS
TRWETVCALSISKQTRLEAALRQAEEFHSVVHALLEWLAEAEQTLRFHGVLPDDEDALRTLIDQHKEFMKKLEEKRAELNKATTMGDTVLAICHPDSITTIKHWITIIRARFEEVLAWAKQHQQRLASALAGLIAKQE
LLEALLAWLQWAETTLTDKDKEVIPQEIEEVKALIAEHQTFMEEMTRKQPDVDKVTKTYKRRAADPSSLQSHIPVLDKGRAGRKRFPASSLYPSGSQTQIYTEKNPRVNLLVSKWQQVWLLALERRRKLNDALDRLEEL
REFANFDFDIWRKKYMRWMNHKKSRVMDFFRRIDKDQDGKITRQEFIDGILSSKFPTSRLEMSAVADIFDRDGDGYIDYYEFVAALHPNKDAYKPITDADKIEDEVTRQVAKCKCAKRFQVEQIGDNKYRFFLGNQFG
DSQQLRLVRILRSTVMVRVGGGWMALDEFLVKNDPCRVHHHGSKMLRSESNSSITTTQPTIAKGRTNMELREKFILADGASQGMAAFRPRGRRSRPSSRGASPNRSTSVSSQAAQAASPQVPATTTPKGTPIQGSKLR
LPGYLSGKGFHSGEDSGLITTAAARVRTQFADSKKTPSRPGSRAGSKAGSRASSRRGSDASDFDISEIQSVCSDVETVFQTHRPTFRAGSRPSTAKPSKIPTPQRKSPASKLDKSSKR

MW:860127.310
Digest Matches

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:30
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.d\Stephie_Probe4_BD4_01_7292.mgf

Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 897 409.225 817.478 69457.000 2+ -42.937 1 5 36.500 3600 - 3606 LLNTTQK
MSMS 249 902.227 902.458 142681.000 1+ -255.989 31 11 24.200 4784 - 4790 QEIQQEK
MSMS 85 553.335 1105.542 140496.000 2+ 109.446 7 12 20.300 6107 - 6115 QRGEEMIAR 6: Oxidation (M)
MSMS 92 445.284 1333.686 43302.000 3+ 113.732 7 16 20.700 7294 - 7304 RFQVEQIGDNK
MSMS 95 686.419 2057.167 230330.000 3+ 36.476 6 9 20.700 1586 - 1603 LLETQLMISGLISPELRK 7: Oxidation (M)
MSMS 827 751.878 2253.042 89851.000 3+ 256.491 6 15 35.100 4457 - 4478 SGGAVLNGEGTATNTEEFWANK
MSMS 853 801.584 2403.222 51075.000 3+ -201.881 3 21 35.600 5997 - 6018 MNKTGPQLLELSPGEGFSIQEK
MSMS 347 847.724 2541.226 132403.000 3+ -27.183 13 12 26.000 6163 - 6182 FWCDHMSLIVTIKDTQDFIR 3: Carbamidomethyl (C) 6: Oxidation (M)

Dynein heavy chain 11, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH11 PE=1 SV=3 DYH11_HUMAN
MAAQVAARERDFREAPTLRLTSGAGLEAVGAVELEEEEENEEEAAARRARSFAQDARVRFLGGRLAMMLGFTEEKWSQYLESEDNRQVLGEFLESTSPACLVFSFAASGRLAASQEIPRDANHKLVFISKKITESIG
VNDFSQVVLFGELPALSLGHVSAFLDEILVPVLSNKNNHKSWSCFTSQDMEYHIEVMKKKMYIFRGKMSRRTLLPIPTVAGKMDLDQNCSENKPPSNERIILHAIESVVIEWSHQIQEIIERDSVQRLLNGLHLSPQA
ELDFWMMRRENLSCIYDQLQAPVVLKMVKILTTKQSSYFPTLKDIFLAVENALLEAQDVELYLRPLRRHIQCLQETEFPQTRILIAPLFHTICLIWSHSKFYNTPARVIVLLQEFCNLFINQATAYLSPEDLLRGEIE
ESLEKVQVAVNILKTFKNSFFNYRKKLASYFMGRKLRPWDFQSHLVFCRFDKFLDRLIKIEDIFATTLEFEKLERLEFGGTKGAILNGQVHEMSEELMELCKLFKQSTYDPSDCTNMEFESDYVAFKSKTLEFDRRLG
TIICEAFFNCNGLEAAFKLLTIFGNFLEKPVVMEIFSLHYSTLVHMFNTELDVCKQLYNEHMKQIECGHVVLNKNMPFTSGNMKWAQQVLQRLQMFWSNFASLRYLFLGNPDHALVYQKYVEMTTLLDQFESRIYNEW
KSNVDEICEFNLNQPLVKFSAINGLLCVNFDPKLVAVLREVKYLLMLKKQDIPDSALAIFKKNTILKYIGNLDLLVQGYNKLKQTLLEVEYPLIEDELRAIDEQLTAATTWLTWQDDCWGYIERVRAATSELEHRVE
RTQKNVKVIQQTMRGWARCVLPPRREHRREAAPTLEDKGDLFTKKYKLIQGDGCKIHNLVEENRKLFKANPSLDYWKIYVEFIDDIVVEGFPQAIMHDLDFFLKNTEKQLKPAPFFQAQMILLPPEIVFKPSLDREAG
DGFYDLVEEMLCNSFRMSAQMNRIATHLEIKNYQNDMDNMLGLAEVRQEIMNRVVNVINKVLDFRNTLETHTYLWVDDRAEFMKHFLLYGHAVSSDEMDAHANEEIPEQPPTLEQFKEQIDIYEALYVQMSKFEDFRV
FDSWFKVDMKPFKVSLLTIIKKWSWMFQEHLLRFVIDSLNELQEFIKETDSGLQRELNEGDHDGLVDIMVHLLAVRSRQRATDELFEPLKETITLLESYGQKMPEQVYIQLEELPERWETTKKIAATVRHEVSPLHNA
EVTLIRKKCILFDAKQAEFRERFRHYAPLGFNAENPYTALDKANEELEALEEEMLQMQESTRLFEVALPEYKQMKQCRKEIKLLKGLWDVIIYVRRSIDNWTKTQWRQIHVEQMDVELRRFAKASSITEIWSLNKEVR
VWDAYTGLEGTVKDMTASLRAITELQSPALRDRHWHQLMKAIGVKFLINEATTLADLLALRLHRVEDDVRRIVDKAVKELGTEKVITEISQTWATMKFSYEVHYRTGIPLLKSDEQLFETLEHNQVQLQTLLQSKYVE
YFIEQVLSWQNKLNIADLVIFTWMEVQRTWSHLESIFVCSEDIRIQLVKDARRFDGVDAEFKELMFKTAKVENVLEATCRPNLYEKLKDLQSRLSLCEKALAEYLETKRIAFPRFYFVSSADLLDILSKGAQPKQVTC
HLAKLFDSIADLQFEDNQDVSAHRAVGMYSKEKEYVPFQAECECVGHVETWLLQLEQTMQETVRHSITEAIVAYEEKPRELWIFDFPAQVALTSSQIWWTTDVGIAFSRLEEGYETALKDFHKKQISQLNTLITLLLG
ELPPGDRQKIMTICTIDVHARDVVAKLISQKQVVVSPQAFTWLSQLRHRWEDTQKHCFVNICDAQFQYFYEYLGNSPRLVITPLTDRCYITLTQSLHLTMSGAPAGPAGTGKTETTKDLGRALGMMVYVFNCSEQMDY
KSIGNIYKGLVQTGAWGCFDEFNRISVEVLSVVAVQVKMIHDAIRNRKKRFVFLGEAITLKPSVGIFITMNPGYAGRTELPENLKALFRPCAMVAPDIELICEILLVAEGFVDARALARKFITLYTLCKELLSKQDHY
DWGLRAIKSVLVVAGSLKRGDKNRPEDQVLMRALRDFNMPKIVTDDIPVFLGLVGDLFPALDVPRRRKLHFEQMVRQSTLELRLQPEESFILKVVQLEELLAVRHSVFVVGNAGTGKSKILRTLNRTYVNMKQKPVWN
DLNPKAVTTDELFGFIHHATREWKDGKIVYSYFIGLFSSILREQANLKHDGPKWIVLDGDIDPMWIESLNTVMDDNKVLTLASNERIALTPFMRLLFEIHHLRSATPATVSRAGILYVNPQDLGWNPYVASWIEFDRRRH
QSEKANLTILFDKYVPACLDKLRTSFKTITSIPESSLVQTLCVLLECLLTPENVPSDSPKEVYEVYFVFACIWAFGGTLLQDQISDYQADFSRWWQKEMKAVKFPSQGTIFDYYVDHKTKKLLPWADKIAQFTMDPDV
PLQTVLVHTTETARLRYFMELLLEKGKPLMLVGNAGVGKTVFVGDTLASLSEDYIVSRVPFNYYTTSTALQKILEKPLEKKAGHNYGPGGNKKLIYFIDDMNMPEVDLYGTVQPHTLIRQHIDYGHWYDRQKVMLKEI
HNCQYVACMNPMVGSFTISPRLQRHFTVFAFNFPSLDAINTIYGQIFSFHPQQQAFAPSILRSGPTLIQATIAFHQTWMCNFLPTAIKFHYIFNLRDLSNVFQGILFASPECLKGPLDLIHLWLHESARVYGDKLIDK
KDCDLFQRRMLETAYKYFEGIDSHMLLQQPLIYCHFADRGKDPHYMPVKDWEVLKTILTETLDNYNELNAAMHLVLFEDAMQHVCRISRILRTPQGCALLVGVGGSGKQSLSRLAAYLRGLEVFQITLTEGYGIQELR
VDLANLYIRTGAKNMPTVFLLTDAQVLDESFLVLINDLLASGEIPDLFSDEDVDKIISGIHNEVHALGMVDSRENCWKFFMARVRLQLKIILCFSPVGRTLRVRARKFPAIVNCTAIDWFHAWPQEALVSVSRRFIEE
TKGIEPVHKDSISLFMAHVHTTVNEMSTRYYQNERRHNYTTPKSFLEQISLFKNLLKKKQNEVSEKKERLVNGIQKLKTTASQVGDLKARLASQEAELQLRNHDAEALITKIGLQTEKVSRETKIADAEERKVTAIQT
EVFQKQRECEADLLKAEPALVAATAALNTLNRVNLSELKAFPNPPIAVTNVTAAVMVLLAPRGRVPKDRSWKAAKVFMGKVDDFLQALINYDKEHIPENCLKVVNEHYLKDPEFNPNLIRTKSFAAAGLCAWVINIIK
FYEVYCDVEPKRQALAQANLELAAATEKLEAIRKKLVDLDRNLSRLTASFEKATAEKVRCQEEVNQTNKTIKLANRLVKELEAAKKIRWGQSIKSFEAQEKTLCGDVLLTAAFVSYVGPFTRQYRQELVHCKWVPFLQQ
KVSIPLTEGLDLISMLTDDATIAAWNNEGLPSDRMSTENAAILTHCERWPLVIDPQQQGIKWIKNKYGMDLKVTHLGQKGFLNAIETALAFGDVILIENLEETIDPVLDPLLGRNTIKKGKYIRIGDKECEFNKNFRL
ILHTKLANPHYKPELQAQTTLLNFTVTEDGLEAQLLAEVVSIERPDLEKLKLVLTKHQNDFKIELKYLEDDLLLRLSAAEGSFLDDTKLVERLEATKTTVAEIEHKVIEAKENERKINEARECYRPLAARASLLYFVI
NDLQKINPLYQFSLKAFNVLFHRAIEQADKVEDMQGRISILMESITHAVFLYTSQALFEKDKLTFLSQMAFQILLRKKEIDPLELDFLLRFTVEHTHLSPVDFLTSQSWSAIKAIAVMEEFRGIDRDVEGSAKQWRKW
VESECPEKEKLPQEWKKKSLIQKLILLRAMRPDRMTYALRNFVEEKLGAKYVERTRLDLVKAFEESSPATPIFFILSPGVDALKDLEILGKRLGFTIDSGKFHNVSLGQGQETVAEVALEKASKGGHWVILQNVHLVA
KWLGTLEKLLERFSQGSHRDYRVFMSAESAPTPDEHIIPQGLLENSIKITNEPPTGMLANLHAALYNFDQDTLEICSKEQEFKSILFSLCYFHACVAGRLRFGPQGWSRSYPFNPGDLTICASVLYNYLEANSKVPWE
DLRYLFGEIMYGGHITDDWDRKLCRVYLEEFMNPSLTEDELMLAPGFAAPFYLDYAGYHQYIEEMLPPESPALYGLHPNAEIEFLTVTSNTLFRTLLEMQPRNALSGDELGQSTEEKVKNVLDDILELKLPEEFNMAEI
MQKNSNRSPYVLVCFQECERMNILIREIRISLEQLDLSLKGELALSPAVEAQQFALSYDTVPDTWSKLAYPSTYGLAQWFNDLLLRCRELDTWTQDLTLPAVVWLSGFFNPQSFLTAIMQTMARKNEWPLDKTRLTAD
VTKKTKEDYGHFPREGAYLHGLFMEGARWDTQAGTIVEARLKELACPMPVIFAKATPVDRQETKQTYECPVYRTKLRGPSYIWTFRLKSEEKTAKWVLAGVALLLEA

MW:520710.860
Digest Matches
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 810 785.698 785.488 114994.000 1+ 267.747 5 4 34.600 1020 - 1026 VVNVINK
MSMS 861 795.572 795.425 120428.000 1+ 185.444 8 5 35.800 3358 - 3364 LTASFEK
MSMS 545 428.263 855.428 55612.000 2+ 106.139 5 6 29.300 2770 - 2776 MLETAYK
MSMS 45 847.955 1694.911 20295.000 2+ -4.981 7 22 18.100 1363 - 1377 FAKASSITEIWSLNK
MSMS 669 879.736 1758.929 52208.000 2+ -263.853 2 2 31.800 3742 - 3756 AFNVLFHRAIEQADK
MSMS 488 768.190 2303.131 90957.000 3+ -250.053 11 16 28.300 266 - 284 LLNGLHLSPQAELDFWMMR 17: Oxidation (M) 18: Oxidation (M)
MSMS 978 768.854 2304.067 38103.000 3+ 208.686 12 16 39.200 497 - 516 GAILNGQVHEMSEELMELCK 11: Oxidation (M) 19: Carbamidomethyl (C)
MSMS 978 768.854 2304.067 38103.000 3+ 208.686 13 12 39.200 497 - 516 GAILNGQVHEMSEELMELCK 16: Oxidation (M) 19: Carbamidomethyl (C)
MSMS 194 807.302 2420.152 59740.000 3+ -107.675 5 9 23.200 616 - 636 QIECGHVVLNKNMPFTSGNMK 4: Carbamidomethyl (C) 13: Oxidation (M)
MSMS 389 892.179 2674.318 83773.000 3+ 76.441 27 13 26.700 3255 - 3276 VDDFLQALINYDKEHIPENCLK 20: Carbamidomethyl (C)

Talin-2 OS=Homo sapiens GN=TLN2 PE=1 SV=4 TLN2_HUMAN
MVALSLKICVRHCNVVKTMQFEPSTAVYDACRVIRERVPEAQTGQASDYGLFLSDEDPRKGIWLEAGRTLDYYMLRNGDILEYKKKQRPQKIRMLDGSVKTVMVDDSKTVGELLVTICSRIGITNYEEYSLIQETIEE
KKEEGTGTLKKDRTLLRDERKMEKLKAKLHTDDDLNWLDHSRTFREQGVDENETLLLRRKFFYSDQNVDSRDPVQLNLLYVQARDDILNGSHPVSFEKACEFGGFQAQIQFGPHVEHKHKPGFLDLKEFLPKEYIKQR
GAEKRIFQEHKNCGEMSEIEAKVKYVKLARSLRTYGVSFFLVKEKMKGKNKLVPRLLGITKDSVMRVDEKTKEVLQEWPLTTVKRWAASPKSFTLDFGEYQESYYSVQTTEGEQISQLIAGYIDIILKKKQSKDRFGL
EGDEESTMLEESVSPKKSTILQQQFNRTGKAEHGSVALPAVMRSGSSGPETFNVGSMPSPQQQVMVGQMHRGHMPPLTSAQQALMGTINTSMHAVQQADDLSELDSLPPLGQDMASRVWVQNKVDESKHEIHSQVDA
ITAGTASVVNLTAGDPADTDYTAVGCAITTISSNLTEMSKGVKLLAALMDDEVGSGEDLLRAARTLAGAVSDLLKAVQPTSGEPRQTVLTAAGSIGQASGDLLRQIGENETDERFQDVLMSLAKAVANAAAMLVLKAK
NVAQVAEDTVLQNRVIAAATQCALSTSQLVACAKVVSPTISSPVCQEQLIEAGKLVDRSVENCVRACQAATTDSELLKQVSAAASVVSQALHDLLQHVRQFASRGEPIGRYDQATDTIMCVTESIFSSMGDAGEMVRQ
ARVLAQATSDLVNAMRSDAEAEIDMENSKKLLAAAKLLADSTARMVEAAKGAAANPENEDQQQRLREAAEGLRVATNAAAQNAIKKKIVNRLEVAAKQAAAAATQTIAASQNAAVSNKNPAAQQQLVQSCKAVADHIP
QLVQGVRGSQAQAEDLSAQLALIISSQNFLQPGSKMVSSAKAAVPTVSDQAAAMQLSQCAKNLATSLAELRTASQKAHEACGPMEIDSALNTVQTLKNELQDAKMAAVESQLKPLPGETLEKCAQDLGSTSKAVGSSM
AQLLTCAAQGNEHYTGVAARETAQALKTLAQAARGVAASTTDPAAAHAMLDSARDVMEGSAMLIQEAKQALIAPGDAERQQRLAQVAKAVSHSLNNCVNCLPQGQKDVDVALKSIGESSKKLLVDSLPPSTKPFQEAQS
ELNQAAADLNQSAGEVVHATRGQSGELAAASGKFSDDFDEFLDAGIEMAGQAQTKEDQIQVIGNLKNISMASSKLLLAAKSLSVDPGAPNAKNLLAAAARAVTESINQLITLCTQQAPGQKECDNALRELETVKGMLD
NPNEPVSDLSYFDCIESVMENSKVLGESMAGISQNAKTGDLPAFGECVGIASKALCQLTEAAAQAAYLVGISDPNSQAGHGCLVDPIQFARANQAIQMACQNLVDPGSSPSQVLSAATIVAKHTSALCNACRIASSKT
ANPVAKRHFVQSAKEVANSTANLVKTIKALDGDFSEDNRNKCRIATAPLIEAVENLTAFASNPEFVSIPAQISSEGSQAQEPILVSAKTMLESSSYLIRTARSLAINPKDPPTWSVLAGHSHTVSDSIKSLITSIRDK
APGQRECDYSIDGINRCIRDIEQASLAAVSQSLATRDDISVEALQEQLTSVVQEIGHLIDPIATAARGEAAQLGHKVTQLASYFEPLILAAVGVASKILDHQQQMTVLDQTKTLAESALQMLYAAKEGGGNPKAQHTH
DAITEAAQLMKEAVDDIMVTLNEAASEVGLVGGMVDAIAEAMSKLDEGTPPEPKGTFVDYQTTVVKYSKAIAVTAQEMMTKSVTNPEELGGLASQMTSDYGHLAFQGQMAAATAEPEEIGFQIRTRVQDLGHGCIFLV
QKAGALQVCPTDSYTKRELIECARAVTEKVSLVLSALQAGNKGTQACITAATAVSGIIADLDTTIMFATAGTLNAENSETFADHRENILKTAKALVEDTKLLVSGAASTPDKLAQAAQSSAATITQLAEVVKLGAASL
GSDDPETQVVLINAIKDVAKALSDLISATKGAASKPVDDPSMYQLKGAAKVMVTNVTSLLKTVKAVEDEATRGTRALEATIECIKQELTVFQSKDVPEKTSSPEESIRMTKGITMATAKAVAAGNSCRQEDVIATANL
SRKAVSDMLTACKQASFHPDVSDEVRTRALRFGTECTLGYLDLLEHVLVILQKPTPEFKQQLAAFSKRVAGAVTELIQAAEAMKGTEWVDPEDPTVIAETELLGAAASIEAAAKKLEQLKPRAKPKQADETLDFEEQI
LEAAKSIAAATSALVKSASAAQRELVAQGKVGSIPANAADDGQWSQGLISAARMVAAATSSLCEAANASVQGHASEEKLISSAKQVAASTAQLLVACKVKADQDSEAMRRLQAAGNAVKRASDNLVRAAQKAAFGKAD
DDDVVVKTKFVGGIAQIIAAQEEMLKKERELEEARKKLAQIRQQQYKFLPTELREDEG

MW:271443.390
Digest Matches
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 519 584.421 1167.608 79840.000 2+ 194.504 8 8 28.800 667 - 676 FQDVLMSLAK 6: Oxidation (M)
MSMS 598 457.680 1370.819 45194.000 3+ 150.881 79 16 30.300 677 - 690 AVANAAAMLVLKAK
MSMS 153 739.901 2217.143 52348.000 3+ 246.076 4 7 22.300 593 - 613 GVKLLAALMDDEVGSGEDLLR 9: Oxidation (M)
MSMS 246 817.817 2451.259 116226.000 3+ 72.221 23 19 24.200 1187 - 1209 LAQVAKAVSHSLNNCVNCLPGQK 18: Carbamidomethyl (C)
MSMS 246 817.817 2451.259 116226.000 3+ 72.221 26 17 24.200 1187 - 1209 LAQVAKAVSHSLNNCVNCLPGQK 15: Carbamidomethyl (C)
MSMS 342 819.199 2456.116 258811.000 3+ -217.141 10 13 25.900 12 - 32 HCNVVKTMQFEPSTAVYDACR 20: Carbamidomethyl (C)
MSMS 389 892.179 2675.301 83773.000 3+ -291.293 11 12 26.700 1159 - 1183 DVMEGSAMLIQEAKQALIAPGDAER 3: Oxidation (M) 8: Oxidation (M)

Abbildung 8-2: Mascot-Report für Nukleolin.

Aufgeführt ist hier eine Liste der zehn ersten identifizierten Protein der Probe, wobei Nukleolin das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/12/2011 Time: 16:35
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe5_BC5_01_7194.d\StephieProbe5_BC5_01_7194.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	1.100	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN

```
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDDSEEDEEDDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDEDDEDDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEDDEDEDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEPVKEA
PGKRKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGRGGFGGRGGFGGRGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE
```

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 244.45)
Score = 244.450000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta

Entries: Meas. M/z	Calc. MH+	Int.	z	Dev.(ppm)	Score	MascotScore	Rt(min)	Range	Sequence
MSMS 153	406.783	812.462	35492.000	2+	118.630	51	27	21.900	555 - 561 LELQGPR
MSMS 249	422.806	844.514	58153.000	2+	107.767	21	33	24.900	363 - 370 ALELTGLK
MSMS 95	442.832	884.556	28115.000	2+	113.587	276	22	19.800	117 - 125 ALVATPGKK
MSMS 68	442.842	884.556	13176.000	2+	136.223	93	25	18.400	72 - 80 VAVATPAKK
MSMS 254	469.294	937.499	62143.000	2+	87.342	44	38	25.100	325 - 333 TGISDVFAK
MSMS 322	470.831	940.514	73088.000	2+	149.974	127	36	27.300	430 - 437 GIAYIEFK
MSMS 266	580.835	1160.583	60077.000	2+	68.446	277	48	25.500	458 - 467 SISLYYTGEK
MSMS 397	781.408	1561.681	69129.000	2+	82.134	551	56	29.300	611 - 624 GFGFVDFNSEEDAK
MSMS 521	797.955	1594.742	52925.000	2+	100.607	3075	105	32.500	524 - 537 GYAFIEFASFEDAK
MSMS 408	824.943	1648.738	30628.000	2+	85.587	2174	70	29.600	349 - 362 FGYVDFESAEDLEK
MSMS 313	842.992	1684.843	19390.000	2+	79.534	38	28	26.900	430 - 444 GIAYIEFKTEADAEK
MSMS 484	905.574	1809.869	28591.000	2+	150.015	20	5	31.500	522 - 537 SKGYAFIEFASFEDAK
MSMS 476	996.478	1991.992	37726.000	2+	-21.737	522	55	31.200	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 486	664.743	1991.992	118798.000	3+	111.727	271	35	31.500	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 465	664.765	1991.992	118798.000	3+	144.876	338	45	30.900	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 343	782.842	2346.128	31413.000	3+	163.436	37	52	28.000	628 - 648 EAMEDGEIDGNKVTLDWAKPK

Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN

```
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDDSEEDEEDDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDEDDEDDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEDDEDEDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEPVKEA
PGKRKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGRGGFGGRGGFGGRGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE
```

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 244.45)
Score = 244.450000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta

Entries: Meas. M/z	Calc. MH+	Int.	z	Dev.(ppm)	Score	MascotScore	Rt(min)	Range	Sequence
MSMS 153	406.783	812.462	35492.000	2+	118.630	51	27	21.900	555 - 561 LELQGPR
MSMS 249	422.806	844.514	58153.000	2+	107.767	21	33	24.900	363 - 370 ALELTGLK
MSMS 95	442.832	884.556	28115.000	2+	113.587	276	22	19.800	117 - 125 ALVATPGKK
MSMS 68	442.842	884.556	13176.000	2+	136.223	93	25	18.400	72 - 80 VAVATPAKK
MSMS 254	469.294	937.499	62143.000	2+	87.342	44	38	25.100	325 - 333 TGISDVFAK
MSMS 322	470.831	940.514	73088.000	2+	149.974	127	36	27.300	430 - 437 GIAYIEFK
MSMS 266	580.835	1160.583	60077.000	2+	68.446	277	48	25.500	458 - 467 SISLYYTGEK
MSMS 397	781.408	1561.681	69129.000	2+	82.134	551	56	29.300	611 - 624 GFGFVDFNSEEDAK
MSMS 521	797.955	1594.742	52925.000	2+	100.607	3075	105	32.500	524 - 537 GYAFIEFASFEDAK
MSMS 408	824.943	1648.738	30628.000	2+	85.587	2174	70	29.600	349 - 362 FGYVDFESAEDLEK
MSMS 313	842.992	1684.843	19390.000	2+	79.534	38	28	26.900	430 - 444 GIAYIEFKTEADAEK
MSMS 484	905.574	1809.869	28591.000	2+	150.015	20	5	31.500	522 - 537 SKGYAFIEFASFEDAK
MSMS 476	996.478	1991.992	37726.000	2+	-21.737	522	55	31.200	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 486	664.743	1991.992	118798.000	3+	111.727	271	35	31.500	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 465	664.765	1991.992	118798.000	3+	144.876	338	45	30.900	404 - 420 VTQDELKEVFEDAAEIR
MSMS 343	782.842	2346.128	31413.000	3+	163.436	37	52	28.000	628 - 648 EAMEDGEIDGNKVTLDWAKPK

Elongation factor 2 OS=Callithrix jacchus GN=EEF2 PE=2 SV=1 EF2_CALJA

```
MVNFTVDQIRAIMDKKANIRNMSVIAHVDHGKSTLTDSLVCKAGIIASARAGETRFTDTRKDEQERCITIKSTAISLFYELSENDLNFIKQSKDGAGFLINLIDSPGHVDFSSEVTAALRVTDGALVVVDCVSGVCVQ
TETVLRQAIAERIKPVLMMNKMDRALLELQLEPEELYQTFQRIVENVNVIISTYGEGESGPMGNIMIDPVLGTVGFGSGLHGWAFTLKQFAEMYVAKFAAKGEGQLGPAERAKKVEDMMKKLWGDRYFDPATGKFSKS
ASSPDGKKLPRTFCQLILDPIFKVFDAIMNFKKEETAKLIEKLDIKLDSEDKDKEGKPLLKAVMRRWLPAGDALLQMITIHLPSPVTAQKYRCELLYEGPPDDEAAMGIKSCDPKGPLMMYISKMVPTSDKGRFYAFG
RVFSGLVSTGLKVRIMGPNYTPGKKEDLYLKPIQRTILMMGRYVEPIEDVPCGNIVGLVGVDQFLVKTGTITTFEHAHNMRVMKFSVSPVVRVAVEAKNPADLPKLVEGLKRLAKSDPMVQCIIEESGEHIIAGAGEL
HLEICLKDLEEDHACIPIKKSDPVVSYRETVSEESNVLCLSKSPNKHNRLYMKARPFPDGLAEDIDKGEVSARQELKQRARYLAEKYEWDVAEARKIWCFGPDGTGPNILTDITKGVQYLNEIKDSVVAGFQWATKEG
ALCEENMRGVRFDVHDVTLHADAIHRGGGQIIPTARRCLYASVLTAQPRLMEPIYLVEIQCPEQVVGGIYGVLNRKRGHVFEESQVAGTPMFVVKAYLPVNESFGFTADLRSNTGGQAFPQCVFDHWQILPGDPFDNT
SRPSQVVAETRKRKGLKEGIPALDNFLDKL
```

MW:95249.940
Digest Matches (Score: 171.28)
Score = 171.282857, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = EF2_CALJA
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta

Entries: Meas. M/z	Calc. MH+	Int.	z	Dev.(ppm)	Score	MascotScore	Rt(min)	Range	Sequence
MSMS 380	361.286	721.391	21903.000	2+	240.790	5	15	28.900	11 - 16 AIMDKK 3: Oxidation (M)
MSMS 238	445.789	890.509	56420.000	2+	68.894	135	25	24.700	499 - 506 FSVSPVVR
MSMS 158	485.353	969.548	35953.000	2+	156.028	30	27	22.100	717 - 726 GGGQIIPTAR

BruKER **BioTools Version 3.1** **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/12/2011 Time: 16:35
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe5_BC5_01_7194.d\StephieProbe5_BC5_01_7194.mgf

MSMS 250 358.610 1073.621 22221.000 3+ 181.341 52 21 25.000 151 - 159 IKPVLMMNK
MSMS 272 546.394 1091.584 41393.000 2+ 180.024 188 59 25.800 2 - 10 VNFTVDQIR
MSMS 305 554.361 1107.641 95385.000 2+ 66.755 277 56 26.800 416 - 426 VFSGLVSTGLK
MSMS 219 468.323 1402.805 43479.000 3+ 106.445 22 18 24.100 439 - 449 KEDLYLKPIQR
MSMS 586 723.015 1444.768 83483.000 2+ 176.292 580 56 34.500 846 - 858 EGIPALDNFLDKL
MSMS 508 900.567 1799.896 70198.000 2+ 128.110 1090 48 32.100 786 - 801 AYLPVNESFGFTADLR
MSMS 335 660.089 1977.974 37566.000 3+ 140.894 36 18 27.700 768 - 785 GHVFEESQVAGTPMFVVK 14: Oxidation (M)
MSMS 324 715.106 2143.078 122142.000 3+ 105.340 390 76 27.400 606 - 625 ARPFPDGLAEDIDKGEVSAR
MSMS 656 735.420 2204.112 95402.000 3+ 60.525 291 42 36.600 72 - 90 STAISLFYELSENDLNFIK
MSMS 666 735.468 2204.112 95402.000 3+ 125.888 48 36 36.900 72 - 90 STAISLFYELSENDLNFIK

Tubulin alpha-1A chain OS=Cricetulus griseus GN=TUBA1A PE=2 SV=1 TBA1A_CRIGR
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 95.87)
Score = 95.870000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_CRIGR
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 497 486.710 1457.869 34402.000 3+ 169.446 51 34 31.900 230 - 243 LIGQIVSSITASLR
MSMS 499 729.572 1457.869 61424.000 2+ 184.050 1280 94 31.900 230 - 243 LIGQIVSSITASLR
MSMS 469 782.714 2346.013 23933.000 3+ 48.734 39 12 31.000 403 - 422 AFVHWYVGEGMEEGEFSEAR 11: Oxidation (M)

Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 TRYP_PIG
FPTDDDDKIVGGYTCAANSIPYQVSLNSGSHFCGGSLINSQWVVSAAHCYKSRIQVRLGEHNIDVLEGNEQFINAAKIITHPNFNGNTLDNDIMLIKLSSPATLNSRVATVSLPRSCAAAGTECLISGWGNTKSSGSS
YPSLLQCLKAPVLSDSSCKSSYPGQITGNMICVGFLEGGKDSCQGDSGGPVVCNGQLQGIVSWGYGCAQKNKPGVYTKVCNYVNWIQQTIAAN

MW:24393.810
Digest Matches (Score: 79.12)
Score = 79.123333, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = TRYP_PIG
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 206 421.767 842.509 1047420.000 2+ 20.555 162 53 23.600 108 - 115 VATVSLPR
MSMS 225 421.790 842.509 452228.000 2+ 75.219 99 43 24.300 108 - 115 VATVSLPR
MSMS 190 421.820 842.509 1047420.000 2+ 146.520 98 49 23.000 108 - 115 VATVSLPR

Tubulin beta chain OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 TBB_PIG
MREIVHIQAGQCGNQIGAKFWEVISDEHGIDPTGSYHGDSDLQLERINVYYNEAAGNKYVPRAILVDLEPGTMDSVRSGPFGQIFRPDNFVFGQSGAGNNWAKGHYTEGAELVDSVLDVVRKESESCDCLQGFQLTHS
LGGGTGSGMGTLLISKIREEYPDRIMNTFSVVPSPKVSDTVVEPYNATLSVHQLVENTDETYCIDNEALYDICFRTLKLTTPTYGDLNHLVSATMSGVTTCLRFPGQLNADLRKLAVNMVPFPRLHFFMPGFAPLTSR
GSQQYRALTVPELTQQMFDAKNMMAACDPRHGRYLTVAAVFRGRMSMKEVDEQMLNVQNKNSSYFVEWIPNNVKTAVCDIPPRGLKMSATFIGNSTAIQELFKRISEQFTAMFRRKAFLHWYTGEGMDEMEFTEAESN
MNDLVSEYQQYQDATADEQGEFEEEGEEDEA

MW:49828.950
Digest Matches (Score: 52.04)
Score = 52.040000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = TBB_PIG
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 506 653.752 1958.982 42701.000 3+ 132.606 580 52 32.000 104 - 121 GHYTEGAELVDSVLDVVR

Keratin, type II cytoskeletal 75 OS=Bos taurus GN=KRT75 PE=2 SV=1 K2C75_BOVIN
MSRQSTITFQTSSRRGFSTASATTPATSRSRFSSASVTHSPAGSGGLGRISGFGSRSLYNLGGTKRVSISGCGSNFRSGFGGRASSGFGVSGGFGYGGGIGGGHGGCGFSVCPPGGIQEVTVNQSLLTPLNLQIDPNI
QRVRKEEREQIKTLNNKFASFIDKVRFLEQQNKVLETKWSLLQEQGTRTVRQSLEPFFEAYITDLRRQLDSITTERGRLDAELRTMQDVVEDFKVRYEDEINKRTAAENEFVALKKDVDAAYLNKVDLEAKANSLTDE
INFLQMLFEAELCQMQTRVSDTSVVLSMDNNRSLDLDSIIAEVKAQYEEIANRSRAEAESWYQTKYEELQVTAGQHGDDLRNTKQEIAEINRMIQRLRSEIDHVKKQCANLQAAIADAEQRGEMALKDARAKLVDLEE
ALQKSQDMARLLREYQELMNIKLALDVEIATYRKLLEGEECRLSGEGVSPVNISVVTSTVSSGYGGGSSIGSGSLGLSGGSGCSFMTSGGHSLGGSSFSNSSSRGLGGSGSSFKFVSTTSSSRKSYKH

MW:58999.560
Digest Matches (Score: 40.47)
Score = 40.470000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = K2C75_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 479 651.939 1302.715 23653.000 2+ 119.553 87 40 31.300 309 - 320 SLDLDSIIAEVK
MSMS 218 738.977 1476.806 23569.000 2+ 95.594 24 21 24.000 165 - 176 FLEQQNKVLETK

Keratin, type II cytoskeletal 6A OS=Mus musculus GN=Krt6a PE=2 SV=3 K2C6A_MOUSE
MSTKTTIKSQTSHRGYSASSARVPGLNRSGFSSVSVCRSRGSGGSSAMCGGAGFGSRSLYGVGSSKRISIGGGSCGIGGGYGSRFGGSFGIGGGAGSGFGFGGGAGFGGGYGGAGFPVCPPGGIQEVTINQSLLTPLN
LQIDPTIQRVRTEEREQIKTLNNKFASFIDKVRFLEQQNKVLDTKWALLQEQGTKTVRQNLEPMFEQYISNLRRQLDSIIGERGRLDSELRNMQDTVEDYKSKYEDEINKRTAAENEFVTLKKDVDAAYMNKVELQAK
ADSLTDDINFLRALYEAELSQMQTHISDTSVVLSMDNNRSLDLDSIIAEVKAQYEDIAQRSRAEAESWYQTKYEELQVTAGRHGDDLRNTKQEIAEINRMIQRLRSEIDHVKKQCANLQAAIADAEQRGEMALKDARG
KLEGLEDALQKAKQDMARLLKEYQELMNVKLALDVEIATYRKLLEGEECRLNGEGVGPVNISVVQSTVSSGYGSAGGASSSLGLGGGSSYSYSSSHGLGGGFSAGSGRAIGGGLSSSGGLSSSTIKYTTTSSSKKSYR
Q

MW:59298.620
Digest Matches (Score: 40.47)
Score = 40.470000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = K2C6A_MOUSE
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 366 546.430 546.299 41467.000 1+ 239.466 5 12 28.500 411 - 415 DARGK
MSMS 479 651.939 1302.715 23653.000 2+ 119.553 87 40 31.300 316 - 327 SLDLDSIIAEVK
MSMS 276 501.392 1502.611 34048.000 3+ -299.456 10 9 26.000 41 - 57 GSGGGSSAMCGGAGFGSR 9: Carbamidomethyl (C)

WD repeat and FYVE domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=WDFY3 PE=1 SV=2 WDFY3_HUMAN
MNMVKRIMGRPRQEECSPQDNALGLMHLRRLFTELCHPPRHMTQKEQEEKLYMMLPVFNRVFGNAPPNTMTEKFSDLLQFTTQVSRLMVTEIRRRASNKSTEAASRAIVQFLEINQSEEASRGWMLLTTINLLASSGQ
KTVDCMTTMSVPSTLVKCLYLFFDLPHVPEAVGGAQNELPLAERRGLLQKVFVQILVKLCSFVSPAEELAQKDDLQLLFSAITSWCPPYNLPWRKSAGEVLMTISRHGLSVNVVKYIHEKECLSTCVQNMQQSDDLSP
LEIVEMFAGLSCFLKDSSDVSQTLLDDFRIWQGYNFLCDLLLRLEQAKEAESKDALKDLVNLITSLTTYGVSELKPAGITTGAPFLLPGFAVPQPAGKGHSVRNVQAFAVLQNAFLKAKTSFLAQIILDAITNIYMAD
NANYFILESQHTLSQFAEKISKLPEVQNKYFEMLEFVVFSLNYIPCKELISVSILLKSSSSYHCSIIAMKTLLKFTRHDYIFKDVFREVGLLEVMVNLLHKYAALLKDPTQALNEQGDSRNNSSVEDQKHLALLVMET
LTVLLQGSNTNAGIFREFGGARCAHNIVKYPQCRQHALMTIQQLVLSPNGDDDMGTLLGLMHSAPPTELQLKTDILRALLSVLRESHRSRTVFRKVGGFVYITSLLVAMERSLSCPPKNGWEKVNQNQVFELLHTVFC
TLTAAMRYEPANSHFFKTEIQYEKLADAVRFLGCFSDLRKISAMNVFPSNTQPFQRLLEEDVISIESVSPTLRHCSKLFIYLYKVATDSFDSRAEQIPPCLTSESSLPSPWGTPALSRKRHAYHSVSTPPVYPPKNVA
DLKLHVTTSSLQSSDAVIIHPGAMLAMLDLLASVGSVTQPEHALDLQLAVANILQSLVHTERNQQVMCEAGLHARLLQRCSAALADEDHSLHPPLQRMFERLASQALEPMVLREFLRLASPLNCGAWDKKLLKQYRVH
KPSSLSYEPEMRSSMITSLEGLGTDNVFSLHEDNHYRISKSLVKSAEGSTVPLTRVKCLVSMTTPHDIRLHGSSVTPAFVEFDTSLEGFGCLFLPSLAPHNAPTNNTVTTGLIDGAVVSGIGSGERFFPPPSGLSYSS
WFCIEHFSSPPNNHPVRLLTVVRRANSSEQHYVCLAIVLSAKDRSLIVSTKEELLQNYVDDFSEESSFYEILPCCARFRCGELIIEGQWHHLVLVMSKGMLKNSTAALYIDGQLVNTVKLHYVHSTPGGSGSANPPVV
STVYAYIGTPPAQRQIASLVWRLGPTHFLEEVLPSSNVTTIYELGPNYVGSFQAVCMPCKDAKSEGVVPSPVSLVPEEKVSFGLYALSVSSLTVARIRKVYNKLDSKAIAKQLGISSHENATPVKLIHNSAGHLNGSA
RTIGAALIGYLGVRTFVPKFVATTLQYVGGAAAILGLVAMASDVEGLYAAVKALVCVVKSNPLASKEMERIKGYQLLAMLLKKKRSLLNSHILHLTFSLVGTVDSGHETSIIPNSTAFQDLLCDFEVWLHAPYELHLS
LFEHFIELLTESSEASKNAKLMREFQLIPKLLLTLRDMSLSQPTIAAISNVLSFLLQGFPSSNDLLRFQQFISSTLPTFAVCEKFVVMEINNEEKLDTCTEEEFGGLVSANLILLRNRLLDILLKLIYTSKEKTSINL
QACEELVKTLGFDWIMMFMEEHLHSTTVTAAMRILVVLLSNQSILIKFKEGLSGGGWLEQTDSVLTNKIGTVLGFNVGRSAGGRSTVREINRDACHFPGFPVLQSFLPKHTNVPALYFLLMALFLQQPVSELPENLQV
SVPVISCRSKQGCQFDLDSIWTFIFGVPASSGTVVSSIHNVCTEAVFLLLGMLRSMLTSPWQSEEEGSWLREYPVTLMQFFRYLYHNVPDLASMWMSPDFLCALAATVFPFNIRPYSEMVTDLDDEVGSPAEEFKAFA
ADTGMNRSQSEYCNVGTKTYLTNHPAKKFVFDFMRVLIIDNLCLTPASKQTPLIDLLLEASPERSTRTQQKEFQTYILDSVMDHLLAADVLLGEDASLPITSGGSYQVLVNNVFYFTQRVVDKLWQGMFNKESKLLID
FIIQLIAQSKRRSQGLSLDAVYHCLNRTILYQFSRAHKTVPQQVALLDSLRVLTVNRNLILGPGNHDQEFISCLAHCLINLHVGSNVDGFGLEAEARMTTWHIMIPSDIEPDGSYSQDISEGRQLLIKAVNRVWTELI
HSKKQVLEELFKVTLPVNERGHVDIATARPLIEEAALKCWQNHLAHEKKCISRGEALAPTTQSKLSRVSSGFGLSKLTGSRRNRKESGLNKHSLSTQEISQWMFTHIAVVRDLVDTQYKEYQERQQNALKYVTEEWCQ
IECELLRERGLWGPPIGSHLDKWMLEMTEGPCRMRKKMVRNDMFYNHYPYVPETEQETNVASEIPSKQPETPDDIPQKKPARYRRAVSYDSKEYYMRLASGNPAIVQDAIVESSEGEAAQQEPEHGEDTIAKVKGLVK
PPLKRSRSAPDGGDEENQEQLQDQIAEGSSIEEEEKTDNATLLRLLEEGEKIQHMYRCARVQGLDTSEGLLLFGKEHFYVIDGFTMTATREIRDIETLPPNMHEPIIPRGARQGPSQLKRTCSIFAYEDIKEVHKRRY
LLQPIAVEVFSGDGRNYLLAFQKGIRNKVYQRFLAVVPSLTDSSESVSGQRPNTSVEQGSGLLSTLVGEKSVTQRWERGEISNFQYLMHLNTLAGRSYNDLMQYPVFPWILADYDSEEVDLTNPKTFRNLAKPMGAQT
DERLAQYKKRYKDWEDPNGETPAYHYGTHYSSAMIVASYLVRMEPFTQIFLRLQGGHFDLADRMFHSVREAWYSASKHNMADVKELIPEFFYLPEFLFNSNNFDLGCKQNGTKLGDVILPPWAKGDPREFIRVHREAL
ECDYVSAHLHEWIDLIFGYKQQGPAAVEAVNVFHHLFYEGQVDIYNINDPLKETATIGFINNFGQIPKQLFKKPHPPKRVRSRLNGDNAGISVLPGSTSDKIFFHHLDNLRPSLTPVKELKEPVGQIVCTDKGILAVE
QNKVLIPPTWNKTFAWGYADLSCRLGTYESDKAMTVYECLSEWGQILCAICPNPKLVITGGTSTVVCVWEMGTSKEKAKTVTLKQALLGHTDTVTCATASLAYHIIVSGSRDRTCIIWDLNKLSFLTQLRGHRAPVSA

Spectrum Analysis Report
Date: 10/12/2011 Time: 16:35
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe5_BC5_01_7194.d\StephieProbe5_BC5_01_7194.mgf

LCINELTGDIVSCAGTYIHVWSINGNPIVSVNTFTGRSQQIICCCMSEMNEWDTQNVIVTGHSDGVVRFWRMEFLQVPETPAPEPAEVLEMQEDCPEAQIGQEAQDEDSSDSEADEQSISQDPKDTPSQPSSTSHRPR
AASCRATAAWCTDSGSDDSRRWSDQLSLDEKDGFIFVNYSEGQTRAHLQGPLSHPHPNPIEVRNYSRLKPGYRWERQLVFRSKLTMHTAFDRKDNAHPAEVTALGISKDHSRILVGDSRGRVFSWSVSDQPGRSAADH
WVKDEGGDSCSGCSVRFSLTERRHHCRNCGQLFCQKCSRFQSEIKRLKISSPVRVCQNCYYNLQHERGSEDGPRNC

MW:395006.420
Digest Matches (Score: 36.12)
Score = 36.120000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = WDFY3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 100 945.110 1888.945 32910.000 2+ 142.007 4 36 20.000 2082 - 2097 RSQGLSLDAVYHCLNR 13: Carbamidomethyl (C)
CARTILAGE OLIGOMERIC MATRIX PROTEIN OS=HOMO SAPIENS GN=COMP PE=1 SV=2 COMP_HUMAN
MVPDTACVLLLTLAALGASGQGQSPLGSDLGPQMLRELQETNAALQDVRELLRQQVREITFLKNTVMECDACGMQQSVRTGLPSVRPLLHCAPGFCFPGVACIQTESGARCGPCPAGFTGNGSHCTDVNECNAHPCFP
RVRCINTSPGFRCEACPPGYSGPTHQGVGLAFAKANKQVCTDINECETGQHNCVPNSVCINTRGSFQCGPCQPGFVGDQASGCQRRAQRFCPDGSPSECHEHADCVLERDGSRSCVCAVGWAGNGILCGRDTDLDGFP
DEKLRCPERQCRKDNCVTVPNSGQEDVDRDGIGDACDPDADGDGVPNEKDNCPLVRNPDQRNTDEDKWGDACDNCRSQKNDDQKDTDQDGRGDACDDDIDGDRIRNQADNCPRVPNSDQKDSDGDGIGDACDNCPQKS
NPDQADVDHDFVGDACDSDQDQDGDGHQDSRDNCPTVPNSAQEDSDHDGQGDACDDDDDNDGVPDSRDNCRLVPNPGQEDADRDGVGDVCQDDFDADKVVDKIDVCPENAEVTLTDFRAFQTVVLDPEGDAQIDPNWV
VLNQGREIVQTMNSDPGLAVGYTAFNGVDFEGTFHVNTVTDDDYAGFIFGYQDSSSFYVVMWKQMEQTYWQANPFRAVAEPGIQLKAVKSSTGPGEQLRNALWHTGDTESQVRLLWKDPRNVGWKDKKSYRWFLQHRP
QVGYIRVRFYEGPELVADSNVVLDTTMRGGRLGVFCFSQENIIWANLRYRCNDTIPEDYETHQLRQA

Digest Matches (Score: 35.11)
Score = 35.110000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = COMP_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 506 653.752 1959.787 42701.000 3+ -278.657 20 35 32.000 306 - 325 DGIGDACDPDADGDGVPNEK
Nucleolar RNA helicase 2 OS=Homo sapiens GN=DDX21 PE=1 SV=5 DDX21_HUMAN
MPGKLRSDAGLESDTAMKKGETLRKQTEEKEKKEKPKSDKTEEIAEEEETVFPKAKQVKKKAEPSEVDMNSPKSKKAKKKEEPSQNDISPKTKSLRKKKEPIEKKVVSSKTKKVTKNEEPSEEEIDAPKPKKMKKEKE
MNGETREKSPKLKNGFPHPEPDCNPSEAASEESNSEIEQEIPVEQKEGAFSNFPISEETIKLLKGRGVTFLFPIQAKTFHHVYSGKDLIAQARTGTGKTFSFAIPLIEKLHGELQDRKRGRAPQVLVLAPTRELANQV
SKDFSDITKKLSVACFYGGTPYGGQFERMRNGIDILVGTPGRIKDHIQNGKLDLTKLKHVVLDEVDQMLDMGFADQVEEILSVAYKKDSEDNPQTLLFSATCPHWVFNVAKKYMKSTYEQVDLIGKKTQKTAITVEHL
AIKCHWTQRAAVIGDVIRVYSGHQGRTIIFCETKKEAQELSQNSAIKQDAQSLHGDIPQKQREITLKGFRNGSFGVLVATNVAARGLDIPEVDLVIQSSPPKDVESYIHRSGRTGRAGRTGVCICFYQHKEEYQLVQV
EQKAGIKFKRIGVPSATEIIKASSKDAIRLLDSVPPTAISHFKQSAEKLIEEKGAVEALAAALAHISGATSVDQRSLINSNVGFVTMILQCSIEMPNISYAWKELKEQLGEEIDSKVKGMVFLKGKLGVCFDVPTASV
TEIQEKWHDSRRWQLSVATEQPELEGPREGYGGFRGQREGSRGFRGQRDGNRRFRGQREGSRGPRGQRSGGGNKSNRSQNKGQKRSFSKAFGQ

MW:87290.380
Digest Matches (Score: 34.24)
Score = 34.240000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = DDX21_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 231 457.247 913.547 19295.000 2+ -65.546 30 20 24.400 424 - 432 AAVIGDVIR
MSMS 301 582.939 1164.710 22327.000 2+ 138.189 141 34 26.600 260 - 270 APQVLVLAPTR
MSMS 336 762.995 1524.842 34126.000 2+ 92.313 16 11 27.700 582 - 595 LLDSVPPTAISHFK

Abbildung 8-3: Mascot-Report für PARP-1.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei PARP-1 das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:19
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe3_BC3_01_7190.d\StephieProbe3_BC3_01_7190.mgf

Sequence Name:		Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008
MH+ (mono):	1.008				

Sequence data:

Intensity Coverage:	0.0 % (0 cnts)	Sequence Coverage MS:	0.0%
Sequence Coverage MS/MS:	0.0%	pI (isoelectric point):	0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Poly [ADP-ribose] polymerase 1 OS=Homo sapiens GN=PARP1 PE=1 SV=4 PARP1_HUMAN
MAESSDKLYRVEYAKSGRASCKKCSESIPKDSLRMAIMVQSPMFDGKVPHWYHFSCFWKVGHSIRHPDVEVDGFSELRWDDQQKVKKTAEAGGVTGKGQDGIGSKAEKTLGDFAAEYAKSNRSTCKGCMEKIEKGQVR
LSKKMVDPEKPQLGMIDRWYHPGCFVKNREELGFRPEYSASQLKGFSLLATEDKEALKKQLPGVKSEGKRKGDEVDGVDEVAKKKSKKEKDKDSKLEKALKAQNDLIWNIKDELKKVCSTNDLKELLIFNKQQVPSGE
SAILDRVADGMVFGALLPCEECSGQLVFKSDAYYCTGDVTAWTKCMVKTQTPNRKEWVTPKEFREISYLKKLKVKKQDRIFPPETSASVAATPPPSTASAPAAVNSSASADKPLSNMKILTLGKLSRNKDEVKAMIEK
LGGKLTGTANKASLCISTKKEVEKMNKKMEEVKEANIRVVSEDFLQDVSASTKSLQELFLAHILSPWGAEVKAEPVEVVAPRGKSGAALSKKSKGQVKEEGINKSEKRMKLTLKGGAAVDPDSGLEHSAHVLEKGGKV
FSATLGLVDIVKGTNSYYKLQLLEDDKENRYWIFRSWGRVGTVIGSNKLEQMPSKEDAIEHFMKLYEEKTGNAWHSKNFTKYPKKFYPLEIDYGQDEEAVKKLTVNPGTKSKLPKPVQDLIKMIFDVESMKKAMVEYE
IDLQKMPLGKLSKRQIQAAYSILSEVQQAVSQGSSDSQILDLSNRFYTLIPHDFGMKKPPLLNNADSVQAKVEMLDNLLDIEVAYSLLRGGSDDSSKDPIDVNYEKLKTDIKVVDRDSEEAEIIRKYVKNTHATTNNA
YDLEVIDIFKIEREGECQRYKPFKQLHNRKLLWHGSRTTNFAGILSQGLRIAPPEAPVTGYMFGKGIYFADMVSKSANYCHTSQGDPIGLILLGEVALGNMYELKHASHISKLPKGKHSVKGLGKTTPDPSANISLDG
VDVPLGTGISSGVNDTSLLYNEYIVYDIAQVNLKYLLKLKFNFKTSLW

MW:113012.390
Digest Matches (Score: 286.78)
Score = 286.780000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = PARP1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 422 392.797 784.414 54975.000 2+ 220.401 41 9 29.200 583 - 587 YWIFR
MSMS 207 434.792 868.479 55032.000 2+ 112.898 31 18 22.800 859 - 865 LLWHGSR
MSMS 360 438.785 876.519 39127.000 2+ 50.052 33 19 27.200 263 - 269 ELLIFNK
MSMS 394 565.846 1130.555 36158.000 2+ 114.801 148 42 28.400 894 - 903 GIYFADMVSK
MSMS 291 573.808 1146.550 25586.000 2+ 51.289 577 32 25.400 894 - 903 GIYFADMVSK 7: Oxidation (M)
MSMS 331 593.396 1185.579 73059.000 2+ 173.998 67 24 26.300 109 - 119 TLGDFAAEYAK
MSMS 522 681.489 1361.804 70267.000 2+ 122.599 97 93 31.700 552 - 564 VFSATLGLVDIVK
MSMS 306 456.055 1365.846 79443.000 3+ 222.782 1031 34 25.800 663 - 674 SKLPKPVQDLIK
MSMS 454 689.470 1377.748 99522.000 2+ 133.821 521 75 29.800 866 - 878 TTNFAGILSQGLR
MSMS 465 459.997 1377.748 30091.000 3+ 165.580 46 13 30.200 866 - 878 TTNFAGILSQGLR
MSMS 484 490.335 1468.729 87866.000 3+ 177.902 42 12 30.700 736 - 747 FYTLIPHDFGMK
MSMS 210 748.006 1494.827 37351.000 2+ 118.681 32 32 22.900 748 - 761 KPPLLNNADSVQAK
MSMS 458 526.652 1577.803 34836.000 3+ 87.664 37 29 29.900 879 - 893 IAPPEAPVTGYMFGK
MSMS 448 789.487 1577.803 67492.000 2+ 103.694 29 24 29.800 879 - 893 IAPPEAPVTGYMFGK
MSMS 378 532.021 1593.798 54251.000 3+ 157.151 64 23 27.800 879 - 893 IAPPEAPVTGYMFGK 12: Oxidation (M)
MSMS 380 812.978 1624.806 94827.000 2+ 87.606 1157 95 27.900 453 - 467 VVSEDFLQDVSASTK
MSMS 391 812.979 1624.806 94827.000 2+ 88.837 516 79 28.300 453 - 467 VVSEDFLQDVSASTK
MSMS 227 600.039 1797.836 54473.000 3+ 148.103 4 9 23.400 608 - 621 EDAIEHFMKLYEEK 8: Oxidation (M)
MSMS 311 675.362 2024.020 97780.000 3+ 25.664 98 31 25.900 166 - 182 NREELGFRPEYSASQLK
MSMS 487 734.793 2202.083 60485.000 3+ 128.067 27 18 30.900 820 - 838 NTHATTHNAYDLEVIDIFK

Tubulin beta-2A chain OS=Homo sapiens GN=TUBB2A PE=1 SV=1 TBB2A_HUMAN
MREIVHIQAGQCGNQIGAKFWEVISDEHGIDPTGSYHGDSDLQLERINVYYNEAAGNKYVPRAILVDLEPGTMDSVRSGPFGQIFRPDNFVFGQSGAGNNWAKGHYTEGAELVDSVLDVVRKESESCDCLQGFQLTHS
LGGGTGSGMGTLLISKIREEYPDRIMNTFSVMPSPKVSDTVVEPYNATLSVHQLVENTDETYSIDNEALYDICFRTLKLTTPTYGDLNHLVSATMSGVTTCLRFPGQLNADLRKLAVNMVPFPRLHFFMPGFAPLTSR
GSQQYRALTVPELTQQMFDSKNMMAACDPRHGRYLTVAAIFRGRMSMKEVDEQMLNVQNKNSSYFVEWIPNNVKTAVCDIPPRGLKMSATFIGNSTAIQELFKRISEQFTAMFRRKAFLHWYTGEGMDEMEFTEAESN
MNDLVSEYQQYQDATADEQGEFEEEEGEDEA

MW:49874.960
Digest Matches (Score: 104.26)
Score = 104.260000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = TBB2A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 542 980.039 1958.982 78389.000 2+ 45.412 513 74 32.300 104 - 121 GHYTEGAELVDSVLDVVR
MSMS 528 653.750 1958.982 126872.000 3+ 129.542 85 58 32.000 104 - 121 GHYTEGAELVDSVLDVVR
MSMS 389 724.767 2172.137 73998.000 3+ 68.881 3 11 28.200 360 - 379 GLKMSATFIGNSTAIQELFK 4: Oxidation (M)
MSMS 6441120.044 3357.576 73238.000 3+ 161.319 4 10 35.400 122 - 154 KESESCDCLQGFQLTHSLGGGTGSGMGTLLISK 26: Oxidation (M)
MSMS 6611138.860 3414.597 117796.000 3+ -9.372 5 12 35.800 122 - 154 KESESCDCLQGFQLTHSLGGGTGSGMGTLLISK 6: Carbamidomethyl (C) 26: Oxidation (M)

Tubulin alpha-1A chain OS=Homo sapiens GN=TUBA1A PE=1 SV=1 TBA1A_HUMAN
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 56.43)
Score = 56.430000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 482 777.473 2330.018 239843.000 3+ 165.822 327 56 30.600 403 - 422 AFVHWYVGEGMEEGEFSEAR

Protrudin OS=Homo sapiens GN=ZFYVE27 PE=1 SV=1 ZFY27_HUMAN
MQTSEREGSGPELSPSVMPEAPLESPPFPTKSPAFDLFNLVLSYKRLEIYLEPLKDAGDGVRYLLRWQMPLCSLLTCLGLNVLFLTLNEGAWYSVGALMISVPALLGYLQEVCRARLPDSELMRRKYHSVRQEDLQRG
RLSRPEAVAEVKSFLIQLEAFLSRLCCTCEAAYRVLHWENPVVSSQFYGALLGTVCMLYLLPLCWVLTLLNSTLFLGNVEFFRVVSEYRASLQQRMNPKQEEHAFESPPPPDVGGKDGLMDSTPALTPTEDLTPGSVE
EAEEAEPDEEFKDAIEETHLVVLEDDEGAPCPAEDELALQDNGFLSKNEVLRSKVSRLTERLRKRYPTNNFGNCTGCSATFSVLKKRRSCSNCGNSFCSRCCSFKVPKSSMGATAPEAQRETVFVCASCNQTLSK

MW:45813.740
Digest Matches (Score: 42.95)
Score = 42.950000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = ZFY27_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 329 544.022 1629.761 38209.000 3+ 178.260 18 42 26.300 397 - 411 ETVFVCASCNQTLSK

PROTEASOME-ASSOCIATED PROTEIN ECM29 HOMOLOG OS=HOMO SAPIENS GN=ECM29 PE=1 SV=2 ECM29_HUMAN
MAAAAASASQDELNQLERVFLRLGHAETDEQLQNIISKFLPPVLLKLSSTQEGVRKKVMELLVHLNKRIKSRPKIQLPVETLLVQYQDPAAVSFVTNFTIIYVKMGYPRLPVEKQCELAPTLLTAMEGKPQPQQDSLM

BRUKER BioTools Version 3.1 Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH Page -1-

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:19
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe3_BC3_01_7190.d\StephieProbe3_BC3_01_7190.mgf

HLLIPTLFHMKYPVESSKSASPFNLAEKPKTVQLLLDFMLDVLLMPYGYVLNESQSRQNSSSAQGSSSNSGGGSGIPQPPPGMSFYAAKRVIGDNPWTPEQLEQCKLGIVKFIEAEQVPELEAVLHLVIASSDTRHSV
ATAADLELKSKQSLIDWNNPAIINKMYKVYLGDIPLKTKEGAVLKPELKRDPVSTRVKLKIVPHLLRSRQAAETFPANIQVVYDGLFGTNTNSKLRTLSLQFVHHICITCPEIKIKPLGPMLLNGLTKLINEYKEDPK
LLSMAYSAVGKLSSRMPHLFTKDIALVQQLFEALCKEEPETRLAIQEALSMMVGAYSTLEGAQRTLMEALVASYLIKPEVQVRQVAVKFASTVFPSDHIPSRYLLLLAAGDPREEVHGEAQRVLRCLPGRNRKESTSE
QMPSFPEMVYYIQEKASHRMKTPVKYMTGTTVLPFNPAAFGEIVLYLRMCLAHSAGVVPTSQSLADMQDHAPAIGRYIRTLMSSGQMAPSSSNKSGETNPVQIYIGLLQQLLAGVGGLPVMYCLLEAVSVYPEKLATK
FVDKTEWIKSLMNNSKEEMRELAALFYSVVVSTVSGNELKSMIEQLIKTTKDNHSPEIQHGSLLALGFTVGRYLAKKKMRMSEQQDLERNADTLPDQEELIQSATETIGSFLDSTSPLLAIAACTALGEIGRNGPLPI
PSEGSGFTKLHLVESLLSRIPSSKETNKMKERAIQTLGYFPVGDGDFPHQKLLLQGLMDSVEAKQIELQFTIGEAITSAAIGTSSVAARDAWQMTEEEYTPPAGAKVNDVVPWVLDVILNKHIISPNPHVRQAACIWL
LSLVRKLSTHKEVKSHLKEIQSAFVSVLSENDELSQDVASKGLGLVYELGNEQDQQELVSTLVETLMTGKRVKHEVSGETVVFQGGALGKTPDGQGLSTYKELCSLASDLSQPDLVYKFMNLANHHAMWNSRKGAAFG
FNVIATRAGEQLAPFLPQLVPRLYRYQFDPNLGIRQAMTSIWNALVTDKSMVDKYLKEILQDLVKNLTSNMWRVRESSCLALNDLLRGRPLDDIIDKLPEIWETLFRVQDDIKESVRKAAELALKTLSKVCVKMCDPA
KGAAGQRTIAALLPCLLDKGMMSTVTEVRALSINTLVKISKSAGAMLKPHAPKLIPALLESLSVLEPQVLNYLSLRATEQEKAAMDSARLSAAKSSPMMETINMCLQYLDVSVLGELVPRLCELIRSGVGLGTKGGCA
SVIVSLTTQCPQDLTPYSGKLMSALLSGLTDRNSVIQKSCAFAMGHLVRTSRDSSTEKLLQKLNGWYMEKEEPIYKTSCALTIHAIGRYSPDVLKNHAKEVLPLAFLGMHEIADEEKSEKEECNLWTEVWQENVPGSF
GGIRLYLQELITITQKALQSQSWKMKAQGAIAMASIAKQTSSLVPPYLGMILTALLQGLAGRTWAGKEELLKAIACVVTACSAELEKSVPNQPSTNEILQAVLKECSKENVKYKIVAISCAADILKATKEDRFQEFSN
IVIPLIKKNSLESSGVRTTKNEEENEKEKELQLEYLLGAFESLGKAWPRNAETQRCYRQELCKLMCERLKLSTWKVQLGVLQSMNAFFQGLMLLEEEHADPEALAEILLETCKSITYSLENKTYSSVRTEALSVIELL
LKKLEESKQWECLTSECRVLLIESLATMEPDSRPELQEKAALLKKTLENLE

Digest Matches (Score: 41.94)
Score = 41.940000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = ECM29_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 522 681.489 1361.804 70267.000 2+ 122.633 50 41 31.700 1159 - 1169 YLKEILQDLVK
MSMS 83 784.272 2351.273 15415.000 3+ -200.479 13 7 18.600 371 - 390 LRTLSLQFVHHICITCPEIK
Zinc finger CCCH domain-containing protein 4 OS=Homo sapiens GN=ZC3H4 PE=1 SV=3 ZC3H4_HUMAN
MEAAPGTPPPPPSESPPPSPPPPSTPSPPPCSPDARPATPHLLHHRLPLPDDREDGELEEGELEDDGAEETQDTSGGPERSRKEKGEKHHSDSDEEKSHRRLKRKRKKEREKEKRRSKKRRKSKHKRHASSSDDFSD
FSDDSDFSPSEKGHRKYREYSPPYAPSHQQYPPSHATPLPRKAYSKMDSKSYGMYEDYENEQYGEYEGDEEEDMGKEDYDDFTKENQYRRAKEGSSRGRGSRGRGRGYRGRGSRGGSRGRGMGRGSRGRGKGSMGGD
HPEDEEDFYEEEMDYGESEEPMGDDDYDEYSKELNQYRRSKDSRGRGLSRGRGRGSRGRGKGMGRGRGGSRGGMNKGGMNDDEDFYDEDMGDGGGSYRSRDHDKPHQQSDKKGKVICKYFVEGRCTWGDHCNFSH
DIELPKKRELCKFYITGFCARAENCPYMHGDFPCKLYHTTGNCINGDDCMFSHDPLTEETRELLDKMLADDAEAGAEDEKEVEELKKQGINPLPKPPPGVGLLPTPPRPPGPQAPTSPNGRPMQGGPPPPPPPPPPP
GPPQMPMPVHEPLSPQQLQQQDMYNKKIPSLFEIVVRPTGQLAEKLGVRFPGPGGPPGPMGPGPNMGPPGPMGGPMHPDMHPDMHPDMHPDMHADMHADMPMGPGMNPGPPMGPGGPPPMMPYGPGDSPHSGMMPPIPP
AQNFYENFYQQQEGMEMEPGLLGDAEDYGHYEELPGEPGEHLFPEHPLEPDSFSEGGPPGRPKPGAGVPDFLPSAQRALYLRIQQKQQEEEERARRLAESSKQDRENEEGDTGNWYSSDEDEGGSSVTSILKTLRQQT
SSRPPASVGELSSSGLGDPRLQKGHPTGSRLADPRLSRDPRLTRHVEASGGSGPGDSGPSDPRLARALPTSKPEGSLHSSPVGPSSSKGSGPPPTEEEEGERALREKAVNIPLDPLPGHPLRDPRSQLQQFSHIKKDV
TLSKPSFARTVLWNPEDLIPLPIPKQDAVPPVPAALQSMPTLDPRLHRAATAGPPNARQRPGASTDSSTQGANLPDFELLSRILKTVNATGSSAAPGSSDKPSDPRVRKAPTDPRLQKPTDSTASSRAAKPGPAEAPS
PTASPSGDASPPATAPYDPRVLAAGGLGQGGGGGQGSVSLSGISLYDPRTPNAGGKATEPAADTGAQPKGAEGNGKSSASSKAKEPPFVRKSALEQPETGKAGADGGTPTDRYNSYNRPRPKAAAAPAATTATPPPEGAP
PQPGVHNLPVPTLFGTVKQTPKTGSGSPFAGNSPAREGEQDAASLKDVFKGFDPTASPFCQ

MW:140169.470
Digest Matches (Score: 39.12)
Score = 39.120000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = ZC3H4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 127 778.915 2334.096 14934.000 3+ 272.089 2 10 20.100 1265 - 1288 TGSGSPFAGNSPAREGEQDAASLK
MSMS 217 978.076 2931.412 29000.000 3+ 273.536 4 8 23.200 1094 - 1124 AAKPGPAEAPSPTASPSGDASPPATAPYDPR
MSMS 1081014.895 3042.266 15047.000 3+ 132.901 3 39 19.600 450 - 475 LYHTTGNCINGDDCMFSHDPLTEETR 14: Carbamidomethyl (C) 15: Oxidation (M)
MSMS 1081014.895 3042.266 15047.000 3+ 132.901 3 39 19.600 450 - 475 LYHTTGNCINGDDCMFSHDPLTEETR 8: Carbamidomethyl (C) 15: Oxidation (M)
INDOLEAMINE 2,3-DIOXYGENASE 1 OS=HOMO SAPIENS GN=IDO1 PE=1 SV=1 I23O1_HUMAN
MAHAMENSWTISKEYHIDEEVGFALPNPQENLPDFYNDWMFIAKHLPDLIESGQLRERVEKLNMLSIDHLTDHKSQRLARLVLGCITMAYVWGKGHGDVRKVLPRNIAVPYCQLSKKLELPPILVYADCVLANWKKKD
PNKPLTYENMDVLFSFRDGDCSKGFFLVSLLVEIAAASAIKVIPTVFKAMQMQERDTLLKALLEIASCLEKALQVFHQIHDHVNPKAFFSVLRIYLSGWKGNPQLSDGLVYEGFWEDPKEFAGGSAGQSSVFQCFDVL
LGIQQTAGGGHAAQFLQDMRRYMPPAHRNFLCSLESNPSVREFVLSKGDAGLREAYDACVKALVSLRSYHLQIVTKYILIPASQQPKENKTSEDPSKLEAKGTGGTDLMNFLKTVRSTTEKSLLKEG

Digest Matches (Score: 38.94)
Score = 38.940000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = I23O1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 454 689.470 1377.748 99522.000 2+ 133.832 41 38 29.800 45 - 56 HLPDLIESGQLR
PROTEIN HEG HOMOLOG 1 OS=HOMO SAPIENS GN=HEG1 PE=1 SV=3 HEG1_HUMAN
MASPRASRWPPPLLLLLLPLLLLPPAAPGTRDPPPSPARRALSLAPLAGAGLELQLERRPEREPPPTPPRERRGPATPGPSYRAPEPGAATQRGPSGRAPRGGSADAAWKHWPESNTEAHVENITFYQNQEDFSTVSS
KEGVMVQTSGKSHAASDAPENLTLLAETADARGRSGSSSRTNFTILPVGYSLEIATALTSQSGNLASESLHLPSSSSEFDERIAAFQTKSGTASEMGTERAMGLSEEWTVHSQEATTSAWSPSFLPALEMGELTTPSR
KRNSSGPDLSWLHFYRTAASSPLLDLSSSSSESTEKLNNSTGLQSSSVSQTKTMHVATVFTDGGPRTLRSLTVSLGPVSKTEGFPKDSRIATTSSSVLLSPSAVESRRNSRVTGNPGDEEFIEPSTENEFGLTSLRWQN
DSPTFGEHQLASSSEVQNGSPMSQTETVSRSVAPMRGGEITAHWLLTNSTTSADVTGSSASYPEGVNASVLTQFSDSTVQSGGSHTALGDRSYSESSSTSSSESLNSSAPRGERSIAGISYGQVRGTAIEQRTSSDHT
DHTYLSSTFTKGERALLSITDNSSSSDIVESSTSYIKISNSSSHSEYSSFFHAQTERSNISSYDGEYAQPSTESPVLHTSNLPSYTPTINMPNTSVVLDTDAEFVSDSSSSSSSSSSSSSGPPLPLPSVSQSHHLFSS
ILPSTRASVHLLKSTSDASTPWSSSPSPLFVSLTTSTSAPLSVSQTTLPQSSSTPVLPRARETPVTSFQTSTMTSFMTMLHSSQTADLKSQSTPHQEKVITESKSPSLVSLPTESTKAVTTNSPLPPSLTESSTEQTL
PATSTNLAQMSPTPTTTILKTSQPLMTTPGTLSSTASLVTGPIAVQTTAGKQLSLTHPEILVPQISTEGGISTERNRVIVDATTGLIPLTSVPTSAKEMTTKLGVTAEYSPASRSLGTSPSPQTTVVSTAEDLAPKSA
TFAVQSSTQSPTTVSSSASVNSCAVNPCLHNGECVADNTSRGYHCRCPPSWQGDDCSVDVNECLSNPCPSTAMCNNTQGSFICKCPVGYQLEKGICNLVRTFVTEFKLKRTFLNTTVEKHSDLQEVENEITKTLNMCF
SALPSYIRSTVHASRESNAVVISLQTTFSLASNVTLFDLADRMQKCVNSCKSSAEVCQLLGSQRRIFRAGSLCKRKSPECDKDTSICTDLDGVALCQCKSGYFQFNKMDHSCRACEDGYRLENETCMSCPFGLGGLNC
GNPYQLITVVIAAAGGGLLLILGIALIVTCCRKNKNDISKLIFKSGDFQMSPYAEYPKNPRSQEWGREAIEMHENGSTKNLLQMTDVYYSPTSVRNPELERNGLYPAYTGLPGSRHSCIFPGQYNPSFISDESRRRDY
F

Digest Matches (Score: 30.03)
Score = 30.030000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = HEG1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 454 689.470 1377.679 99522.000 2+ 184.248 16 30 29.800 1156 - 1168 SSAEVCQLLGSQR
DEAD END PROTEIN HOMOLOG 1 OS=HOMO SAPIENS GN=DND1 PE=1 SV=1 DND1_HUMAN
MQSKRDCELWCERVNPENKAALEAWVRETGIRLVQVNGQRKYGGPPPGWVGSPPPAGSEVFIGRLPQDVYEHQLIPLFQRVGRLYEFRLMMTFSGLNRGFAYARYSSRRGAQAAIATLHNHPLRPSCPLLVCRSTEKC
ELSVDGLPPNLTRSALLLALQPLGPGLQEARLLPSPGPAPGQIALLKFSSHRAAAMAKKALVEGQSHLCGEQVAVEWLKPDLKQRLRQQLVGPFLRSPQPEGSQLALARDKLGFQGARATLQLLCQRMKLGSPVFLTK
CLGIGPAGWHRFWYQVVIPGHPVPFSGLIWVVLTLDGRDGHEVAKDAVSVRLLQALSESGANLLWSAGAEAGTMVKQ

Digest Matches (Score: 30.01)
Score = 30.010000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = DND1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 528 653.750 1958.985 126872.000 3+ 127.834 7 30 32.000 134 - 151 STEKCELSVDGLPPNLTR
ANTIGEN KI-67 OS=HOMO SAPIENS GN=MKI67 PE=1 SV=2 KI67_HUMAN
MWPTRRLVTIKRSGVDGPHFPLSLSTCLFGRGIECDIRIQLPVVSKQHCKIEIHEQEAILHNFSSTNPTQVNGSVIDEPVRLKHGDVITIIDRSFRYENESLQNGRKSTEFPRKIREQEPARRVSRSSFSSDPDEKAQ
DSKAYSKITEGKVSGNPQVHIKNVKEDSTADDSKDSVAQGTTNVHSSEHAGRNGRNAADPISGDFKEISSVKLVSRYGELKSVPTTQCLDNSKKNESPFWKLYESVKKELDVKSQKENVLQYCRKSGLQTDYATEKES
ADGLQGETQLLVSRKSRPKSGGSGHAVAEPASPEQELDQNKGKGRDVESVQTPSKAVGASFPLYEPAKMKTPVQYSQQQNSPQKHKNKDLYTTGRRESVNLGKSEGFKAGDKTLTPRKLSTRNRTPAKVEDAADSATK
PENLSSKTRGSIPTDVEVLPTETEIHNEPFLTLWLTQVERKIQKDSLSKPEKLGTTAGQMCSGLPGLSSVDINNFGDSINESEGIPLKRRRVVSFGGHLRPELFDENLPPNTPLKRGEAPTKRKSLVMHTPPVLKKIIK
EQPQPSGKQESGSEIHVEVKAQSLVISPPAPSPRKTPVASDQRRRSCKTAPASSSKSQTEVPKRGGRKSGNLPSKRVSISRSQHDILQMICSKRRSGASEANLIVAKSWADVVKLGAKQTQTKVIKHGPQRSMNKRQR
RPATPKKPVGEVHSQFSTGHANSPCTIIIGKAHTEKVHVPARPYRVLNNFISNQKMDFKEDLSGIAEMFKTPVKEQPQLTSTCHIAISNSENLLGKQFQGTDSGEEPLLPTSESFGGNVFFSAQNAAKQPSDKCSASP
PLRRQCIRENGNVAKTPRNTYKMTSLETKTSDTETEPSKTVSTANRSGRSTEFRNIQKLPVESKSEETNTEIVECILKRGQKATLLQQRREGEMKEIERPFETYKENIELKENDEKMKAMKRSRTWGQKCAPMSDLTD
LKSLPDTELMKDTARGQNLLQTQDHAKAPKSEKGKITKMPCQSLQPEPINTPTHTKQQLKASLGKVGVKEELLAVGKFTRTSGETTHTHREPAGDGKSIRTFKESPKQILDPAARVTGMKKWPRTPKEEAQSLEDLAG
FKELFQTPGPSEESMTDEKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKDIKAFMGTPVQKLDLAGTLPGSKRQLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGHTEELVA
AGKTTKIPCDSPQSDPVDTPTSTKQRPKRSIRKADVEGELLACRNLMPSAGKAMHTPKPSVGEEKDIIIFVGTPVQKLDLTENLTGSKRRPQTPKEEAQALEDLTGFKELFQTPGHTEEAVAAGKTTKMPCESSPPES
ADTPTSTRRQPKTPLEKRDVQKELSALKKLTQTSGETTHTDKVPGGEDKSINAFRETAKQKLDPAASVTGSKRHPKTKEKAQPLEDLAGLKELFQTPVCTDKPTTHEKTTKIACRSQPDPVDTPTSSKPQSKRSLRKV
DVEEEFFALRKRKTPSAGKAMHTPKPAVSGEKNIYAFMGTPVQKLDLTENLTGSKRRLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTRGHTEESMTNDKTAKVACKSSQPDPDKNPASSKRRLKTSLGKVGVKEELLAVGKLTQTS
GETTHTHTEPTGDGKSMKAFMESPKQILDSAASLTGSKRQLRTPKGKSEVPEDLAGFIELFQTPSHTKESMTNEKTTKVSYRASQPDLVDTPTSSKPQPKRSLRKADTEEEFLAFRKQTPSAGKAMHTPKPAVGEEKD
INTFLGTPVQKLDQPGNLPGSNRRLQTRKEKAQALEELTGFRELFQTPCTDNPTTDEKTTKKILCKSPQSDPADTPTNTKQRPKRSLKKADVEEEFLAFRKLTPSAGKAMHTPKAAVGEEKDINTFVGTPVEKLDLLG
NLPGSKRRPQTPKEKAKALEDLAGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPDPVKTPTSSKQRLKISLGKVGVKEEVLPVGKLTQTSGKTTQTHRETAGDGKSIKAFKESAKQMLDPANYGTGMERWPRTPKEEA
QSLEDLAGFKELFQTPDHTEESTTDDKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKGINVFRETAKQKLDPAASVTGSKRQPRTPKGKAQPLEDLAGLKELFQTPICTD
KPTTHEKTTKIACRSPQPDPVGTPTIFKPQSKRSLRKADVEEESLALRKRTPSVGKAMDTPKPAGGDEKDMKAFMGTPVQKLDLPGNLPGSKRWPQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGTDKPTTDEKTTKIACKSPQ
PDPVDTPASTKQRPKRNLRKADVEEEFLALRKRTPSAGKAMDTPKPAVSDEKNINTFVETPVQKLDLLGNLPGSKRQPQTPKEKAEALEDLVGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPESFKTSRSSKQRLKI
PLVKVDMKEEPLAVSKLTRTSGETTQTHTEPTGDSKSIKAFKESPKQILDPAASVTGSRRQLRTRKEKARALEDLVDFKELFSAPGHTEESMTIDKNTKIPCKSPPPELTDTATSTKRCPKTRPRKEVKEELSAVERL
TQTSGQSTHTHEKPASGDEGIKVLKQRAKKKPNPVEEEPSRRRPRAPKEKAQPLEDLAGFTELSETSGHTQESLTAGKATKIPCESPPLEVVDTTASTKRHLRTRVQKVQVKEEPSAVKFTQTSGETTDADKEPAGED
KGIKALKESAKQTPAPAASVTGSRRRPRAPRESAQAIEDLAGFKDPAAGHTEESMTDDKTTKIPCKSSPELEDTATSSKRRPRTRAQKVEVKEELLAVGKLTQTSGETTHTDKEPVGEGKGTKAFKQPAKRKLDAEDV

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:19
FileName: H:\Stephie\100507\StephieProbe3_BC3_01_7190.d\StephieProbe3_BC3_01_7190.mgf

IGSRRQPRAPKEKAQPLEDLASFQELSQTPGHTEELANGAADSFTSAPKQTPDSGKPLKISRRVLRAPKVEPVGDVVSTRDPVKSQSKSNTSLPPLPFKRGGGKDGSVTGTKRLRCMPAPEEIVEELPASKKQRVAPR
ARGKSSEPVVIMKRSLRTSAKRIEPAEELNSNDMKTNKEEHKLQDSVPENKGISLRSRRQNKTEAEQQITEVFVLAERIEINRNEKKPMKTSPEMDIQNPDDGARKPIPRDKVTENKRCLRSARQNESSQPKVAEESG
GQKSAKVLMQNQKGKGEAGNSDSMCLRSRKTKSQPAASTLESKSVQRVTRSVKRCAENPKKAEDNVCVKKIRTRSHRDSEDI

Digest Matches (Score: 26.21)
Score = 26.210000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = KI67_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 190 402.331 803.444 16419.000 2+ 262.151 3 5 22.300 2581 - 2587 NTKIPCK
MSMS 306 456.055 1365.792 79443.000 3+ 262.447 19 26 25.800 537 - 548 KSLVMHTPPVLK 5: Oxidation (M)
MSMS 45 729.998 1458.671 51542.000 2+ 218.175 3 8 17.000 1861 - 1874 SPQSDPADTPTNTK
MSMS 424 747.146 2238.985 152466.000 3+ 195.777 5 14 29.200 1368 - 1388 TTKMPCESSPPESADTPTSTR 4: Oxidation (M)

Abbildung 8-4: Mascot-Report für DNA-PKcs.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei die DNA-PKcs das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:31
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.d\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.mgf

Sequence Name:		Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008
MH+ (mono):	1.008				

Sequence data:

Intensity Coverage:	0.0 % (0 cnts)	Sequence Coverage MS:	0.0%
Sequence Coverage MS/MS:	0.0%	pI (isoelectric point):	0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

DNA-dependent protein kinase catalytic subunit OS=Homo sapiens GN=PRKDC PE=1 SV=3 PRKDC_HUMAN

MAGSGAGVRCSLLRLQETLSAADRCGAALAGHQLIRGLGQECVLSSSPAVLALQTSLVFSRDFGLLVFVRKSLNSIEFRECREEILKFLCIFLEKMGQKIAPYSVEIKNTCTSVYTKDRAAKCKIPALDLLIKLLQTF
RSSRLMDEFKIGELFSKFYGELALKKKIPDTVLEKVYELLGLLGEVHPSEMINNAENLFRAFLGELKTQMTSAVREPKLPVLAGCLKGLSSLLCNFTKSMEEDPQTSREIFNFVLKAIRPQIDLKRYAVPSAGLRLFA
LHASQFSTCLLDNYVSLFEVLLKWCAHTNVELKKAALSALESFLKQVSNMVAKNAEMHKNKLQYFMEQFYGIIRNVDSNNKELSIAIRGYGLFAGPCKVINAKDVDFMYVELIQRCKQMFLTQTDTGDDRVYQMPSFL
QSVASVLLYLDTVPEVYTPVLEHLVVMQIDSFPQYSPKMQLVCCRAIVKVFLALAAKGPVLRNCISTVVHQGLIRICSKPVVLPKGPESESESDHRASGEVRTGKWKVPTYKDYVDLFRHLLSSDQMMDSILADEAFFS
VNSSSESLNHLLYDEFVKSVLKIVEKLDLTLEIQTVGEQENGDEAPGVWMIPTSDPAANLHPAKPKDFSAFINLVEFCREILPEKQAEFFEPWVYSFSYELILQSTRLPLISGFYKLLSITVRNAKKIKYFEGVSPKS
LKHSPEDPEKYSCFALFVKFGKEVAVKMKQYKDELLASCLTFLLSLPHNIIELDVRAYVPALQMAFKLGLSYTPLAEVGLNALEEWSIYIDRHVMQPYYKDILPCLDGYLKTSALSDETKNNWEVSALSRAAQKGFNK
VVLKHLKKTKNLSSNEAISLEEIRIRVVQMLGSLGGQINKNLLTVTSSDEMMKSYVAWDREKRLSFAVPFREMKPVIFLDVFLPRVTELALTASDRQTKVAACELLHSMVMFMLGKATQMPEGGQGAPPMYQLYKRTF
PVLLRLACDVDQVTRQLYEPLVMQLIHWFTNNKKFESQDTVALLEAILDGIVDPVDSTLRDFCGRCIREFLKWSIKQITPQQQEKSPVNTKSLFKRLYSLALHPNAFKLGASLAFNNIYREFREEESLVEQFVFEAL
VIYMESLALAHADEKSLGTIQQCCDAIDHLCRIIEKKHVSLNKAKKRRLPRGFPPSASLCLLDLVKWLLAHCGRPQTECRHKSIELFYKFVPLLPGNRSPNLWLKDVLKEEGVSFLINTFEGGGCGQPSGILAQPTLL
YLRGPFSLQATLCWLDLLLAALECYNTFIGERTVGALQVLGTEAQSSLLKAVAFFLESIAMHDIIAAEKCFGTGAAGNRTSPQEGERYNYSKCTVVVRIMEFTTTLLNTSPEGWKLLKKDLCNTHLMRVLVQTLCEPA
SIGFNIGDVQVMAHLPDVCVNLMKALKMSPYKDILETHLREKITAQSIEELCAVNLYGPDAQVDRSRLAAVVSACKQLHRAGLLHNILPSQSTDLHHSVGTELLSLVYKGIAPGDERQCLPSLDLSCKQLASGLLELA
FAFGGLCERLVSLLLNPAVLSTASLGSSQGSVIHFSHGEYFYSLFSETINTELLKNLDLAVLELMQSSVDNTKMVSAVLNGMLDQSFRERANQKHQGLKLATTILQHWKKCDSWWAKDSPLETKMAVLALLAKILQID
SSVSFNTSHGSFPEVFTTYISLLADTKLDLHLKGQAVTLLPFFTSLTGGSLEELRRVLEQLIVAHFPMQSREFPPGTPRFNNYVDCMKKFLDALELSQSPMLLELMTEVLCREQQHVMEELFQSSFRRIARRGSCVTQ
VGLLESVYEMFRKDDPRLSFTRQSFVDRSLLTLLWHCSLDALREFFSTIVVDAIDVLKSRFTKLNESTFDTQITKKMGYYKILDVMYSRLPKDDVHAKESKINQVFHGSCITEGNELTKTLIKLCYDAFTENMAGENQ
LLERRRLYHCAAYNCAISVICCVFNELKFYQGFLFSEKPEKNLLIFENLIDLKRRYNFPVEVEVPMERKKKYIEIRKEAREAANGDSDGPSYMSSLSYLADSTLSEEMSQFDFSTGVQSYSYSSQDPRPATGRFRRRE
QRDPTVHDDVLELEMDELNRHECMAPLTALVKHMHRSLGPPQGEEDSVPRDLPSWMKFLHGKLGNPIVPLNIRLFLAKLVINTEEVFRPYAKHWLSPLLQLAASENNGGEGIHYMVVEIVATILSWTGLATPTGVPKD
EVLANRLLNFLMKHVFHPKRAVFRHNLEIIKTLVECWKDCLSIPYRLIFEKFSGKDPNSKDNSVGIQLLGIVMANDLPPYDPQCGIQSSEYFQALVNNMSFVRYKEVYAAAAEVLGLILRYVMERKNILEESLCELVA
KQLKQHQNTMEDKFIVCLNKVTKSFPPLADRFMNAVFFLLPKFHGVLKTLCLEVVLCRVEGMTELYFQLKSKDFVQVMRHRDDERQKVCLDIIYKMMPKLKPVELRELLNFVVEFVSHPSTTCREQMYNILMWIHDNY
RDPESETDNDSQEIFKLAKDVLIQGLIDENPGLQLIRNFWSHETRLPSNTLDRLLAINSLYSPKIEVHFLSLATNFLLEWTSMSPDYPNPMFEHPLSECEFQEYTIDSDWRFRSTVLTPMFVETQASQGTLQTRTQE
GSLSARWPVAGQIRATQQQHDFTLTQTADGRSSFDWLTGSSTDPLVDHTSPSSDSLLFAHKRSERLQRAPLKSVGPDFGKKRLGLPGDEVDNKVKGAAGRTDLLRLRRRFMRDQEKLSLMYARKGVAEQKREKEIKSE
LKMKQDAQVVLYRSYRHGDLPDIQIKHSSLITPLQAVAQRDPIIAKQLFSSLFSGILKEMDKFKTLSEKNNITQKLLQDFNRFLNTTFSFFPPFVSCIQDISCQHAALLSLDPAAVSAGCLASLQQPVGIRLLEEALL
RLLPAELPAKRVRGKARLPPDVLRWVELAKLYRSIGEYDVLRGIFTSEIGTKQITQSALLAEARSDYSEAAKQYDEALNKQDWVDGEPTEAEKDFWELASLDCYNHLAEWKSLEYCSTASIDSENPPDLNKIWSEPFY
QETYLPYMIRSKLKLLLQGEADQSLLTFIDKAMHGELQKAILELHYSQELSLLYLLQDDVDRAKYYIQNGIQSFMQNYSSIDVLLHQSRLTKLQSVQALTEIQEFISFISKQGNLSSQVPLKRLLNTWTNRYPDAKMD
PMNIWDDIITNRCFFLSKIEEKLTPLPEDNSMNVDQDGDPSDRMEVQEQEEDISSLIRSCKFSMKMKMIDSARKQNNFSLAMKLLKELHKESKTRDDWLVSWVQSYCRLSHCRSRSQGCSEQVLTVLKTVSLLDENNV
SSYLSKNILAFRDQNILLGTTYRIIANALSSEPACLAEIEEDKARRILELSGSSSEDSEKVIAGLYQRAFQHLSEAVQAAEEEAQPPSWSCGPAAGVIDAYMTLADFCDQQLRKEEENASVIDSAELQAYPALVVEKM
LKALKLNSNEARLKFPRLLQIIERYPEETLSLMTKEISSVPCWQFISWISHMVALLDKDQAVAVQHSVEEITDNYPQAIVYPFIISSESYSFKDTSTGHKNKEFVARIKSKLDQGGVIQDFINALDQLSNPELLFKDW
SNDVRAELAKTPVNKKNIEKMYERMYAALGDPKAPGLGAFRRKFIQTFGKEFDKHFGKGGSKLLRMKLSDFNDITNMLLLKMNKDSKPPGNLKECSPWMSDFKVEFLRNELEIPGQYDGRGKPLPEYHVRIAGFDERV
TVMASLRRPKRIIIRGHDEREHPFLVKGGEDLRQDQRVEQLFQVMNGILAQDSACSQRALQLRTYSVVPMTSRLGLIEWLENTVTLKDLLLNTMSQEEKAAYLSDPRAPPCEYKDWLTKMSGKHDVGAYMLMYKGANR
TETVTSFRKRESKVPADLLKRAFVRMSTSPEAFLALRSHFASSHALICISHWILGIGDRHLNNFMVAMETGGVIGIDFGHAFGSATQFLPVPELMPFRLTRQFINLMLPMKETGLMYSIMVHALRAFRSDPGLLTNTM
DVFVKEPSFDWKNFEQKMLKKGGSWIQEINVAEKNWYPRQKICYAKRKLAGANPAVITCDELLLGHEKAPAFRDYVAVARGSKDHNIRAQEPESGLSEETQVKCLMDQATDPNILGRTWEGWEPWM

MW:468787.910
Digest Matches (Score: 96.17)
Score = 96.170000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = PRKDC_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence

MSMS	210	729.396	729.335	262319.000	1+	84.020	8	4	23.400	330 - 335	NAEMHK		
MSMS	601	405.352	809.488	39314.000	2+	258.220	17	2	30.100	2916 - 2922	LPPDVLR		
MSMS	489	423.315	845.524	59730.000	2+	116.484	35	21	28.200	965 - 971	TFPVLLR		
MSMS	582	465.417	929.585	40542.000	2+	260.098	15	6	29.800	1643 - 1651	MAVLALLAK		
MSMS	597	468.825	936.530	53544.000	2+	120.318	20	19	30.100	892 - 899	LSFAVPFR		
MSMS	641	505.381	1009.572	63744.000	2+	181.487	131	12	30.700	247 - 254	EIFNFVLK		
MSMS	698	575.434	1149.651	47714.000	2+	182.266	131	39	31.700	311 - 321	AALSALESFLK		
MSMS	532	609.926	1218.709	75336.000	2+	111.286	26	35	29.000	2539 - 2549	LLALNSLYSPK		
MSMS	264	638.469	1275.690	156627.000	2+	188.634	12	7	24.300	2825 - 2835	TLSEKNNITQK		
MSMS	521	669.920	1338.716	72609.000	2+	86.937	36	25	28.800	1076 - 1087	LGASLAFNNIYR		
MSMS	727	772.569	1543.746	27776.000	2+	249.308	5	14	32.400	380 - 391	DVDFMYVELIQR	5: Oxidation (M)	
MSMS	541	885.024	1768.896	82696.000	2+	81.685	133	63	29.100	3303 - 3318	TVSLLDENNVSSYLSK		
MSMS	516	594.345	1780.869	36503.000	3+	85.278	39	12	28.700	1987 - 2000	RYNFPVEVEVPMER	12: Oxidation (M)	
MSMS	662	605.733	1815.022	126138.000	3+	89.442	15	9	31.100	1275 - 1292	TVGALQVLGTEAQSSLLK		
MSMS	784	952.598	1904.038	52729.000	2+	79.463	26	29	33.400	3051 - 3067	LLLQGEADQSLLTFIDK		
MSMS	877	707.272	2119.212	107480.000	3+	278.225	43	42	35.500	2504 - 2522	DVLIQGLIDENPGLQLIIR		
MSMS	249	714.036	2139.986	57709.000	3+	50.102	10	8	24.000	2073 - 2090	DPTVHDDVLELEMDELNR		
MSMS	736	726.501	2177.189	37495.000	3+	137.802	24	29	32.600	3468 - 3485	LLQIIERYPEETLSLMTK		
MSMS	319	776.077	2326.143	136287.000	3+	31.758	8	25	25.300	925 - 944	QTKVAACELLHSMVMFMLGK	7: Carbamidomethyl (C) 13: Oxidation (M) 15: Oxidation (M)	
MSMS	319	776.077	2326.143	136287.000	3+	31.758	12	16	25.300	925 - 944	QTKVAACELLHSMVMFMLGK	7: Carbamidomethyl (C) 13: Oxidation (M) 17: Oxidation (M)	
MSMS	626	878.196	2632.335	64711.000	3+	90.559	39	22	30.400	3426 - 3449	KEEENASVIDSAELQAYPALVVEK		

Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN

MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPQQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPGDPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 47.84)
Score = 47.840000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:31
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.d\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.mgf

MSMS 145 426.292 851.426 34034.000 2+ 177.513 136 36 22.000 269 - 277 GFSGLDGAK
MSMS 182 441.792 882.516 67064.000 2+ 69.349 30 15 22.800 959 - 967 GVVGLPGQR
MSMS 815 448.110 895.463 34512.000 2+ -280.042 6 17 34.000 1142 - 1152 GPPGSAGAPGK
MSMS 479 448.333 895.463 53427.000 2+ 218.585 1 3 28.100 1142 - 1152 GPPGSAGAPGK
MSMS 300 581.373 1161.572 224856.000 2+ 143.549 73 42 25.000 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 339 581.415 1161.572 224856.000 2+ 215.928 76 29 25.600 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 407 648.867 1296.658 86062.000 2+ 52.817 25 14 26.900 971 - 984 GFPGLPGPSGEPGK

Collagen alpha-1(II) chain OS=Homo sapiens GN=COL2A1 PE=1 SV=3 CO2A1_HUMAN
MIRLGAPQTLVLLTLLVAAVLRCQGQDVQEAGSCVQDGQRYNDKDVWKPEPCRICVCDTGTVLCDDIICEDVKDCLSPEIPFGECCPICPTDLATASGQPGPKGQKGEPGDIKDIVGPKGPPGPQGPAGEQGPRGDRG
DKGEKGAPGPRGRDGEPGTPGNPGPPGPPGPPGPPGLGGNFAAQMAGGFDEKAGGAQLGVMQGPMGPRGPPGPGAGAPGPQGPQGNPGEPGEPGVSGPMGPRGPPGPPGKPGDDGEAGKPGKAGERGPPGPQGARG
FPGTPGLPGVKGHRGYPGLDGAKGEAGAPGVKGESGSPGENGSPGPMGPRGLPGERGRTGPAGAAGARGNDGQPGPAGPPGPVGPAGGPGFPGAPGAKGEAGPTGARGPEGAQGPRGEPGTPGSPGPAGASGNPGTDG
IPGAKGSAGAPGIAGAPGFPGPRGPPGPGQGATGPLGPKGQTGEPGIAGFKGEQGPKGEPGPAGPQGAPGPAGEGKRGARGEPGGVGPIGPPGERGAPGNRGFPGQDGLAGPKGAPGERGPSGLAGPKGANGDPGRPG
EPGLPGARGLTGRPGDAGPQGKVGPSGAPGEDGRPGPPGPQGARGQPGVMGFPGPKGANGEPGKAGEKGLPGAPGLRGLPGKDGETGAAGPPGPAGPAGERGEQGAPGPSGPQGLPGPPGPPGEGGKPGDQGVPGEAG
APGLVGPRGERGFPGERGSPGAQGLQGPRGLPGTPGTDGPKGASGPAGPPGAQGDPPGLQGMPGERGAAGIAGPKGDRGDVGEKGPEGAPGKDGGRGLTGPIGPPGPAGANGEKGEVGPPGPAGSAGARGAPGERGETG
PPGPAGFAGPPGADGQPGAKGEQGEAGQKGDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPKGARGAQGPPGATGFPGAAGRVGPPGSNGNPGPPGPPGPSGKDGPKGARGDSGPPGRAGEPGLQGPAGPPGEKGEPGDDGPSG
AEGPPGPQGLAGQRGIVGLPGQRGERGFPGLPGPSGEPGKQGAPGASGDRGPPGPVGPPGLTGPAGEPGREGSPGADGPPGRDGAAGVKGDRGETGAVGAPGAPGPPGSPGPAGPTGKQGDRGEAGAQGPMGPSGPAG
ARGIQGPQGPRGDKGEAGEPGERGLKGHRGFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPRGPPGPVGPSGKDGANGIPGPIGPPGPRGRSGETGPAGPPGNPGPPGPPGPPGPGIDMSAFAGLGPREKGPDPLQYMRAD
QAAGGLRQHDAEVDATLKSLNNQIESIRSPEGSRKNPARTCRDLKLCHPEWKSGDYWIDPNQGCTLDAMKVFCNMETGETCVYPNPANVPKKNWWSSKSKEKKHIWFGETINGGFHFSYGDDNLAPNTANVQMTFLRL
LSTEGSQNITYHCKNSIAYLDEAAGNLKKALLIQGSNDVEIRAEGNSRFTYTALKDGCTKHTGKWGKTVIEYRSQKTSRLPIIDIAPMDIGGPEQEFGVDIGPVCFL

MW:141698.500
Digest Matches (Score: 46.05)
Score = 46.050000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CO2A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 407 648.867 1296.658 86062.000 2+ 52.817 25 14 26.900 993 - 1006 GFPGLPGPSGEPGK
MSMS 321 771.163 2312.127 187518.000 3+ -282.187 16 14 25.300 858 - 884 GDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPK
MSMS 274 823.769 2469.212 177308.000 3+ 32.704 5 3 24.500 1056 - 1084 GDRGETGAVGAPGAPGAPGPPGSPGPAGPTGK
MSMS 404 891.880 2673.302 108996.000 3+ 121.181 55 46 26.800 1134 - 1163 GFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPR

von Willebrand factor A domain-containing protein 3A OS=Homo sapiens GN=VWA3A PE=2 SV=3 VWA3A_HUMAN
MKKYRKISIGCFAMATQTSHVFHGQENMFLENHCIRRNTGRDSKKPLKQKNMNGLGQNSDNGLLVTHVNQTQDLLRLQGSETQSSDWEDSEDWLSAHSLKCQKLTLADLISQGTEVLEEGTNVVQKICFSTQIIRHFE
SKLSDTIEVYQERIQWLTENSKKAFGLIKGARVSILIDVSAISSGPQKEEFQKDLMSLIDEQLSHKEKLFVLSFGTNAGSLWPDPMEVSASTLQELKLWVKTLQPDGGSNLLQALKKIFTLKGLDSLVAIMRSCPDQP
SEILSDYIQQSTMGRDLIIHFITYRCDDQMPPAVLKNLAEAVRGYYHCYSPKMEHYTSRDMDELLAEIQKAQSLLSHVQALQHSSPCEALTCTMEEISTEITNGPLISLLPKPPKHDAPLTIEFPNLDKTSAEWLKVN
GLKAKKLSLYQVLAPNAFSPVEEFVPILQKTVSSTIHEKAMIQFEWHDGTVKNIHVDPPFLYKYQQQLSRAMRMYERRIEWLSLASRRIWGTVCEKRVVVLLDISATNSMYIIHIQHSLRLLLEEQLSNKDCFNLIAF
GSTIESWRPEMVPVSHNNLQSAWRWALNLRCRGSRNVLSALRKAVEVDFKDKDKHQSQGIYLFTGGIPDQDMPTLSAYMAEACGGCDLQLNVCLFYVGEPKMDTTPPARYASHTDTAAAYKEVTRAAGGRFHWFGDTG
IYESDDINSIMSEMEKALNYSQKCAFLMASLKNHSGKVLGSSALPKEKPKTLQLRSQPKKLCPPRPTVPLGARMSIKDDPDREKSPPLKSLKWRPLSSRVGISPAAAQPTKEGMMELRRKTKSREAETSLLLFYTEKG
NDVGSVYKKYPQGRGLRRTSSSIDLPRKDTVCSSQEWVAKYGLKKLKLEISRCMGPNCTHQKSGQRSASAKHCSIFPSVEIHGVVRHIQWTPREMEVYIRHLEKVLRRYVQRLQWLLSGSRRLFGTVLESKVCILLDT
SGSMGPYLQQVKTELVLLIWEQLRKCCDSFNLLSFAESFQSWQDTLVETTDAACHEAMQWVTHLQAQGSTSILQALLKAFSFHDLEGLYLLTDGKPDTSCSLVLNEVQKLREKRDVKVHTISLNCSDRAAVEFLRKLA
SFTGGRYHCPVGEDTLSKIHSLLTKGFINEKDPTLPPFEGDDLRILAQEITKARSFLWQAQSFRSQLQKKNDAEPKVTLS

MW:133934.570
Digest Matches (Score: 38.85)
Score = 38.850000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = VWA3A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 376 673.501 2018.004 110134.000 3+ 239.935 31 38 26.300 790 - 808 VGISPAAAQPTKEGMMELR 15: Oxidation (M) 16: Oxidation (M)

TBC1 domain family member 22B OS=Homo sapiens GN=TBC1D22B PE=1 SV=3 TB22B_HUMAN
MAAENSKQFWKRSAKLPGSIQPVYGAQHPPLDPRLTKNFIKERSKVNTVPLKNKKASSFHEFARNTSDAWDIGDDEEEDFSSPSFQTLNSKVALATAAQVLENHSKLRVKPERSQSTTSDVPANYKVIKSSSDAQLSR
NSSDTCLRNPLHKQQSLPLRPIIPLVARISDQNASGAPPMTVREKTRLEKFRQLLSSQNTDLDELRKCSWPGVPREVRPITWRLLSGYLPANTERRKLTLQRKREEYFGFIEQYYDSRNEEHHQDTYRQIHIDIPRTN
PLIPLFQQPLVQEIFERILFIWAIRHPASGYVQGINDLVTPFFVVFLSEYVEEDVENFDVTNLSQDMLRSIEADSFWCMSKLLDGIQDNYTFAQPGIQKKVKALEELVSRIDEQVHNHFRRYEVEYLQFAFRWMNNLL
MRELPLRCTIRLWDTYQSEPEGFSHFHLYVCAAFLIKWRKEILDEEDFQGLLMLLQNLPTIHWGNEEIGLLLAEAYRLKYMFADAPNHYRR

MW:59044.190
Digest Matches (Score: 33.08)
Score = 33.080000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = TB22B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 379 601.094 1800.891 88285.000 3+ 209.234 31 23 26.300 167 - 183 ISDQNASGAPPMTVREK
MSMS 327 606.366 1816.886 233235.000 3+ 108.861 22 23 25.400 167 - 183 ISDQNASGAPPMTVREK 12: Oxidation (M)
MSMS 332 909.058 1816.886 168223.000 2+ 122.780 30 3 25.500 167 - 183 ISDQNASGAPPMTVREK 12: Oxidation (M)
MSMS 360 606.428 1816.886 233235.000 3+ 211.291 24 33 26.000 167 - 183 ISDQNASGAPPMTVREK 12: Oxidation (M)

RNA-binding protein 47 OS=Homo sapiens GN=RBM47 PE=1 SV=2 RBM47_HUMAN
MTAEDSTAAMSSDSAAGSSAKVPEGVAGAPNEAALLALMERTGYSMVQENGQRKYGGPPPGWEGPHPQRGCEVFVGKIPRDVYEDELVPVFEAVGRIYELRLMMDFDGKNRGYAFVMYCHKHEAKRAVRELNNYEIRP
GRLLGVCCSVDNCRLFIGGIPKMKKREEILEEIAKVTEGVLDVIVYASAADKMKNRGFAFVEYESHRAAAMARRKLMPGRIQLVGHQIAVDWAEPEIDVDEDVMETVKILYVRNLMIETTEDTIKKSFGQFNPGCVER
VKKIRDYAFVHFTSREDAVHAMNNLNGTELEGSCLEVTLAKPVDKEQYSRYQKAARGGGAAEAAQQPSYVYSCDPYTLAYYGVPYNALIGPNRDYFVKAGSIRGRGRGAGNRAPGPRGSYLGGYSAGRGIYSRYHEG
KGKQQEKGYELVPNLEIPTVNPVAIKPGTVAIPAIGAQYSMFPAAPAPKMIEDGKIHTVEHMISFIAVQPDPASAAAAAAAAAAAAAVIPTVSTPPPFQGRPITPVYTVAPNVQRIPTAGIYGASYVPFAAPATATI
ATLQKNAAAAAAMYGGYAGYIPQAFPAAAIQVPIPDVYQTY

MW:64058.230
Digest Matches (Score: 30.85)
Score = 30.850000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = RBM47_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 629 669.742 2007.812 50783.000 3+ -299.126 4 30 30.500 1 - 21 MTAEDSTAAMSSDSAAGSSAK 1: Oxidation (M) 10: Oxidation (M)

Ribonuclease P protein subunit p30 OS=Homo sapiens GN=RPP30 PE=1 SV=1 RPP30_HUMAN
MAVFADLDLRAGSDLKALRGLVETAAHLGYSVVAINHIVDFKEKKQEIEKPVAVSELFTTLPIVQGKSRPIKILTRLTIIVSDPSHCNVLRATSSRARLYDVVAVFPKTEKLFHIACTHLDVDLVCITVTEKLPFYFK
RPPINVAIDRGLAPELVYSPAIKDSTMRRYTISSALNLMQICKGKNVIISSAAERPLEIRGPYDVANLGLLFGLSESDAKAAVSTNCRAALLHGETRKTAFGIISTVKKPRPSEGDEDCLPASKKAKCEG

MW:29302.680
Digest Matches (Score: 29.29)
Score = 29.290000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = RPP30_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 173 605.365 1813.930 286090.000 3+ 83.059 17 29 22.600 167 - 181 RYTISSALNLMQICK 11: Oxidation (M) 14: Carbamidomethyl (C)

Ankyrin repeat and FYVE domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ANKFY1 PE=1 SV=2 ANFY1_HUMAN
MAEEEVAKLEKHLMLLRQEYVKLQKKLAETEKRCALLAAQANKESSSESFISRLLAIVADLYEQEQYSDLKIKVGDRHISAHKFVLAARSDSWSLANLSSTKELDLSDANPEVTMTMLRWIYTDELEFREDDVFLTEL
MKLANRFQLQLLRERCEKGVMSLVNVRNCIRFYQTAEELNASTLMNYCAEIIASHWDDLRKEDFSSMSAQLLYKMIKSKTEYPLHKAIKVEREDVVFLYLIEMDSQLPGKLNEADHNGDLALDLALSRRLESIATTLV
SHKADVDMVDKSGWSLLHKGIQRGDLFAATFLIKNGAFVNAATLGAQETPLHLVALYSSKKHSADVMSEMAQIAEALLQAGANPNMQDSKGRTPLHVSIMAGNEYVFSQLLQCKQLDLELKDHEGSTALWLAVQHITV
SSDQSVNPFEDVPVVNGTSFDENSFAARLIQRGSHTDAPDTATGNCLLQRAAGAGNEAAALFLATNGAHVNHRNKWGETPLHTACRHGLANLTAELLQQGANPNLQTEEALPLPKEAASLTSLADSVHLQTPLHMAIA
YNHPDVVSVILEQKANALHATNNLQIIPDFSLKDSRDQTVLGLALWTGMHTIAAQLLGSGAAINDTMSDGQTLLHMAIQRQDSKSALFLLEHQADINVRTQDGETALQLAIRNQLPLVVDAICTRGADMSVPDEKGNP
PLWLALANNLEDIASTLVRHGCDATCWGPGPGGCLQTLLHRAIDENNEPTACFLIRSGCDVNSPRQPGANGEGEEEARDGQTPLHLAASWGLEETVQCLLEFGANVNAQDAEGRTPIHVAISSQHGVIIQLLVSHPDI
HLNVRDRQGLTPFACAMTFKNNKSAEAILKRESGAAEQVDNKGRNFLHVAVQNSDIESVLFLISVHANVNSRVQDASKLTPLHLAVQAGSEIIVRNLLLAGAKVNELTKHRQTALHLAAQQDLPTICSVLLENGVDFA
AVDENGNNALHLAVMHGRLNNIRVLLTECTVDAEAFNLRGQSPLHILGQYGKENAAAIFDLFLECMPGYPLDKPDADGSTVLLLAYMKGNANLCRAIVRSGARLGVNNNQGVNIFNYQVATKQLLFRLLDMLSKEPPW
CDGSYCYECTARFGVTTRKHHCRHCGRLLCHKCSTKEIPIIIKFDLNKPVRVCNICFDVLTLGGVS

MW:128318.100
Digest Matches (Score: 29.29)
Score = 29.290000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = ANFY1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:31
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.d\Stephie_Probe5_BD5_01_7294.mgf

MSMS 327 606.366 1817.064 233235.000 3+ 10.528 72 29 25.400 907 - 923 LTPLHLAVQAGSEIIVR
MSMS 360 606.428 1817.064 233235.000 3+ 112.947 22 18 26.000 907 - 923 LTPLHLAVQAGSEIIVR

Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase family member 2 OS=Homo sapiens GN=ENPP2 PE=1 SV=3 ENPP2_HUMAN

MARRSSFQSCQIISLFTFAVGVNICLGFTAHRIKRAEGWEEGPPTVLSDSPWTNISGSCKGRCFELQEAGPPDCRCDNLCKSYTSCCHDFDELCLKTARGWECTKDRCGEVRNEENACHCSEDCLARGDCCTNYQVVC
KGESHWVDDDCEEIKAAECPAGFVRPPLIIFSVDGFRASYMKKGSKVMPNIEKLRSCGTHSPYMRPVYPTKTFPNLYTLATGLYPESHGIVGNSMYDPVFDATFHLRGREKFNHRWWGGQPLWITATKQGVKAGTFFW
SVVIPHERRILTILQWLTLPDHERPSVYAFYSEQPDFSGHKYGPFGPEMTNPLREIDKIVGQLMDGLKQLKLHRCVNVIFVGDHGMEDVTCDRTEFLSNYLTNVDDITLVPGTLGRIRSKFSNNAKYDPKAIIANLTC
KKPDQHFKPYLKQHLPKRLHYANNRRIEDIHLLVERRWHVARKPLDVYKKPSGKCFPQGDHGFDNKVNSMQTVFVGYGSTFKYKTKVPPFENIELYNVMCDLLGLKPAPNNGTHGSLNHLLRTNTFRPTMPEEVTRPN
YPGIMYLQSDFDLGCTCDDKVEPKNKLDELNKRLHTKGSTEERHLLYGRPAVLYRTRYDILYHTDFESGYSEIFLMPLWTSYTVSKQAEVSSVPDHLTSCVRPDVRVSPSFSQNCLAYKNDKQMSYGFLFPPYLSSSP
EAKYDAFLVTNMVPMYPAFKRVWNYFQRVLVKKYASERNGVNVISGPIFDYDYDGLHDTEDKIKQYVEGSSIPVPTHYYSIITSCLDFTQPADKCDGPLSVSSFILPHRPDNEESCNSSEDESKWVEELMKMHTARVR
DIEHLTSLDFFRKTSRSYPEILTLKTYLHTYESEI

MW:98929.550
Digest Matches (Score: 29.11)
Score = 29.110000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = ENPP2_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 8431131.649 2262.958 120896.000 2+ -294.847 6 2 34.700 82 - 99 SYTSCCHDFDELCLKTAR 5: Carbamidomethyl (C) 6: Carbamidomethyl (C) 13: Carbamidomethyl (C)
MSMS 508 771.414 2311.956 57626.000 3+ 117.347 11 29 28.600 63 - 81 CFELQEAGPPDCRCDNLCK 1: Carbamidomethyl (C) 14: Carbamidomethyl (C) 18: Carbamidomethyl (C)
MSMS 508 771.414 2311.956 57626.000 3+ 117.347 9 20 28.600 63 - 81 CFELQEAGPPDCRCDNLCK 1: Carbamidomethyl (C) 12: Carbamidomethyl (C) 18: Carbamidomethyl (C)

Lysine-specific histone demethylase 1A OS=Homo sapiens GN=KDM1A PE=1 SV=2 KDM1A_HUMAN

MLSGKKAAAAAAAAAAAATGTEAGPGTAGGSENGSEVAAQPAGLSGPAEVGPGAVGERTPRKKEPPRASPPGGLAEPPGSAGPQAGPTVVPGSATPMETGIAETPEGRRTSRRKRAKVEYREMDESLANLSEDEYYSE
EERNAKAEKEKKLPPPPPQAPPEEENESEPEEPSGVEGAAFQSRLPHDRMTSQEAACFPDIISGPQQTQKVFLFIRNRTLQLWLDNPKIQLTFEATLQQLEAPYNSDTVLVHRVHSYLERHGLINFGIYKRIKPLPTK
KTGKVIIIGSGVSGLAAARQLQSFGMDVTLLEARDRVGGRVATFRKGNYVADLGAMVVTGLGGNPMAVVSKQVNMELAKIKQKCPLYEANGQAVPKEKDEMVEQEFNRLLEATSYLSHQLDFNVLNNKPVSLGQALEV
VIQLQEKHVKDEQIEHWKKIVKTQEELKELLNKMVNLKEKIKELHQQYKEASEVKPPRDITAEFLVKSKHRDLTALCKEYDELAETQGKLEEKLQELEANPPSDVYLSSRDRQILDWHFANLEFANATPLSTLSLKHW
DQDDDFEFTGSHLTVRNGYSCVPVALAEGLDIKLNTAVRQVRYTASGCEVIAVNTRSTSQTFIYKCDAVLCTLPLGVLKQQPPAVQFVPPLPEWKTSAVQRMGFGNLNKVVLCFDRVFWDPSVNLFGHVGSTTASRGE
LFLFWNLYKAPILLALVAGEAAGIMENISDDVIVGRCLAILKGIFGSSAVPQPKETVVSRWRADPWARGSYSYVAAGSSGNDYDLMAQPITPGPSIPGAPQPIPRLFFAGEHTIRNYPATVHGALLSGLREAGRIADQ
FLGAMYTLPRQATPGVPAQQSFSM

MW:92844.670
Digest Matches (Score: 21.85)
Score = 21.850000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = KDM1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 586 352.986 1056.627 77106.000 3+ 299.546 8 21 29.800 586 - 594 LNTAVRQVR
MSMS 279 672.922 1344.737 67455.000 2+ 74.307 11 9 24.600 437 - 447 TQEELKELLNK

8.1.2 Mascot Report-Listen der Proteine aus der direkten tryptischen Spaltung von Proteinen der Eluat-Fraktionen

Abbildung 8-5: Mascot-Report HDGF Strep-tag Eluat 1. Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:45
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads+Biotin_BD1_01_1424.d\Beads+Biotin_BD1_01_1424.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	1.000	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Hepatoma-derived growth factor OS=Homo sapiens GN=HDGF PE=1 SV=1 HDGF_HUMAN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEAAEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPAKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIRDHESL

MW:26771.870
Digest Matches (Score: 264.63)
Score = 264.626667, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1 423.650 846.494 5344708.000 2+ -238.565 16 21 16.500 73 - 79 FGKPNKR
MSMS 133 492.140 983.485 171058160.000 2+ -215.656 38 29 26.500 22 - 29 GYPHWPAR
MSMS 1351044.240 1044.521 34762796.000 1+ -269.057 42 26 26.500 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 125 522.630 1044.521 67133152.000 2+ -256.864 513 75 26.100 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 4 544.610 1088.497 8996087.000 2+ -261.117 73 23 17.700 198 - 208 NSTPSEPGSGR
MSMS 121 551.630 1102.545 196771456.000 2+ -265.206 155 44 25.900 30 - 39 IDEMPEAAVK
MSMS 3 566.100 1131.480 2089556.000 2+ -254.114 262 38 17.300 171 - 180 EAENPEGEEK
MSMS 97 600.670 1200.622 28724540.000 2+ -241.032 214 62 24.800 157 - 167 RAGDLLEDSPK
MSMS 177 692.630 1384.663 51872692.000 2+ -296.554 161 40 28.500 62 - 72 DLFPYEESKEK
MSMS 302 910.200 1819.886 124578152.000 2+ -271.248 51 59 34.900 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 475 910.210 1819.886 3354775.000 2+ -260.252 16 20 43.600 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 262 649.810 1947.981 48056700.000 3+ -290.501 192 42 33.000 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 259 974.230 1947.981 87080608.000 2+ -271.355 16895 87 32.800 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 339 663.480 1988.991 41840340.000 3+ -284.252 84 46 36.500 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 341 994.720 1988.991 35783508.000 2+ -280.592 284 96 36.600 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 68 705.780 2115.902 11067562.000 3+ -272.733 18 33 23.600 106 - 125 KSCVEEPEPEPEAAEGDGDK
MSMS 166 761.110 3042.282 34413256.000 4+ -283.943 143 45 28.000 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 1751014.490 3042.282 41009584.000 3+ -271.686 46 50 28.400 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 1671014.820 3042.282 41009584.000 3+ 53.835 107 57 28.000 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR

Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDDSEEDEEDDEDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDEDEDDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEEDDEDEDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEEPVKEA
PGKKKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDADKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGFGGRGGFGGRGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 95.72)
Score = 95.723333, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 18 416.680 832.441 2397589.000 2+ -106.255 94 22 20.300 404 - 410 VTQDELK
MSMS 21 442.720 884.556 3468160.000 2+ -139.936 46 29 20.700 117 - 125 ALVATPGKK
MSMS 87 457.610 914.469 7665677.000 2+ -280.562 4 6 24.400 7 - 15 AGKNQGDPK
MSMS 191 589.640 1178.569 15975798.000 2+ -251.405 272 80 29.100 411 - 420 EVFEDAAEIR
MSMS 291 781.200 1561.681 20211610.000 2+ -184.418 1039 50 34.300 611 - 624 GFGFVDFNSEEDAK
MSMS 392 771.180 2312.156 15399852.000 3+ -272.720 143 47 39.200 298 - 318 VEGTEPTTAFNLFVGNLNFNK

Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 OS=Macaca mulatta GN=HNRNPA1 PE=2 SV=3 ROA1_MACMU
MSKSESPKEPEQLRKLFIGGLSFETTDESLRSHFEQWGTLTDCVVMRDPNTKRSRGFGFVTYATVEKVDAAMNARPHKVDGRVVEPKRAVSREDSQRPGAHLTVKKIFVGGIKEDTEEHHLRDYFEQYGKIEVIEIMT
DRGSGKKRGFAFVTFDDHNSVDKIVIQKYHTVNGHNCEVRKALSKQEMASASSSQRGRSGSGNFGGGRGGGFGGNDNFGRGGNFSGRGGFGGSRGGGGYGGSGDGYNGFGNDGSNFGGGGSYNDFGNYNNQSSNFGPM
KGGNFGGRSLGPYGGGGQYFAKPRNQGGYGGSSSSSSYGSGRRF

MW:34199.370
Digest Matches (Score: 92.11)
Score = 92.110000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = ROA1_MACMU
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 35 650.160 1299.654 2807928.000 2+ -262.703 44 36 21.700 4 - 14 SESPKEPEQLR
MSMS 30 719.200 1437.744 4555030.000 2+ -244.815 27 23 21.400 93 - 105 EDSQRPGAHLTVK
MSMS 23 847.600 1694.700 1684028.000 2+ -299.568 32772 92 20.900 301 - 318 NQGGYGGSSSSSSYGSGR
MSMS 261 850.060 1698.776 28422674.000 2+ 198.415 28 22 32.900 147 - 161 GFAFVTFDDHNSVDK

40S ribosomal protein S15 OS=Bos taurus GN=RPS15 PE=2 SV=3 RS15_BOVIN
MAEVEQKKKRTFRKFTYRGVDLDQLLDMSYEQLMQLYSARQRRRLNRGLRRKQHSLLKRLRKAKKDAPPMEKPEVVKTHLRDMIILPEMVGSMVGVYNGKTFNQVEIKPEMIGHYLGEFSITYKPVKHGRPGIGATHS
SRFIPLK

MW:17015.160
Digest Matches (Score: 81.67)
Score = 81.670000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = RS15_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 4201026.710 2053.017 11335481.000 2+ -294.314 810 81 40.700 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK

60S ribosomal protein L31 OS=Bos taurus GN=RPL31 PE=2 SV=1 RL31_BOVIN
MAPAKKGGEKKKGRSAINEVVTREYTINIHKRIHGVGFKKRAPRALKEIRKFAMKEMGTPDVRIDTRLNKAVWAKGIRNVPYRIRVRLSRKRNEDEDSPNKLYTLVTYVPVTTFKNLQTVNVDEN

MW:14453.930
Digest Matches (Score: 77.95)

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:45
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads+Biotin_BD1_01_1424.d\Beads+Biotin_BD1_01_1424.mgf

Score = 77.950000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = RL31_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 346 822.770 1644.925 19630198.000 2+ -238.465 1161 77 37.000 102 - 115 LYTLVTYVPVTTFK
Tubulin alpha-1A chain OS=Cricetulus griseus GN=TUBA1A PE=2 SV=1 TBA1A_CRIGR
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 74.54)
Score = 74.540000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_CRIGR
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 43 455.190 909.504 4356608.000 2+ -144.493 19 21 22.100 157 - 164 LSVDYGKK
MSMS 340 851.260 1701.906 14827317.000 2+ -231.093 4144 74 36.500 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR
40S ribosomal protein S8 OS=Bos taurus GN=RPS8 PE=2 SV=3 RS8_BOVIN
MGISRDNWHKRRKTGGKRKPYHKKRKYELGRPAANTKIGPRRIHTVRVRGGNKKYRALRLDVGNFSWGSECCTRKTRIIDVVYNASNNELVRTKTLVKNCIVLIDSTPYRQWYESHYALPLGRKKGAKLTPEEEEILN
KKRSKKIQKKYDERKKNAKISSLLEEQFQQGKLLACIASRPGQCGRADGYVLEGKELEFYLRKIKARKGK

MW:24190.160
Digest Matches (Score: 70.28)
Score = 70.280000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = RS8_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 250 859.730 1718.907 11258365.000 2+ -264.523 2048 70 32.500 78 - 92 IIDVVYNASNNELVR
60S ribosomal protein L18 OS=Bos taurus GN=RPL18 PE=2 SV=3 RL18_BOVIN
MGVDIRHNKDRKVRRKEPKSQDIYLRLLVKLYRFLARRTNSTFNQVVLKRLFMSRTNRPPLSLSRMIRKMKLPGREGKTAVVVGTITDDVRVQEVPKLKVCALRVSSRARSRILKAGGKILTFDQLALDSPKGCGTVL
LSGPRKGREVYRHFGKAPGTPHSHTKPYVRSKGRKFERARGRRASRGYKN

MW:21522.020
Digest Matches (Score: 62.78)
Score = 62.780000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = RL18_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 315 730.700 1460.800 11559251.000 2+ -278.662 1061 62 35.400 120 - 132 ILTFDQLALDSPK
MSMS 11 516.520 1547.808 1577263.000 3+ -169.569 43 23 19.700 155 - 168 APGTPHSHTKPYVR
40S ribosomal protein S4, X isoform OS=Cercopithecus aethiops GN=RPS4X PE=2 SV=3 RS4X_CERAE
MARGPKKHLKRVAAPKHWMLDKLTGVFAPRPSTGPHKLRECLPLIIFLRNRLKYALTGDEVKKICMQRFIKIDGKVRTDITYPAGFMDVISIDKTGENFRLIYDTKGRFAVHRITPEEAKYKLCKVRKIFVGTKGIPH
LVTHDARTIRYPDPLIKVNDTIQIDLETGKITDFIKFDTGNLCMVTGGANLGRIGVITNRERHPGSFDVVHVKDANGNSFATRLSNIFVIGKGNKPWISLPRGKGIRLTIAEERDKRLAAKQSSG

MW:29579.050
Digest Matches (Score: 60.32)
Score = 60.320000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = RS4X_CERAE
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 162 368.610 736.424 12511125.000 2+ -287.237 13 17 27.700 169 - 174 ITDFIK
MSMS 366 943.190 1885.925 33167666.000 2+ -293.103 67 60 38.000 78 - 94 TDITYPAGFMDVISIDK
Nucleophosmin OS=Bos taurus GN=NPM1 PE=2 SV=1 NPM_BOVIN
MEDSMDMDMSPLRPQNYLFGCELKADRDYHFKVDNDENEHQLSLRTVSLGAGAKDELHVVEAEAMNYEGSPIKVTLATLKMSVQPTVSLGGFEITPPVVLRLKCGSGPVHISGQHLVAVEEDAESEEEEEEEVKLLSI
SGKRSAPGSGSKVPQKKVKLAADEDEDDDDDDDDDDDEDDDDDDFDEEVEEKAPVKKSVRDTPAKNAQKSNQNGKDSKPSTPRSKGQESFKKQEKTPKTPRGPSSVEDIKAKMQASIEKGGSLPKVEAKFINYVKNCF
RMTDQEAIQDLWQWRKSL

MW:32682.870
Digest Matches (Score: 54.06)
Score = 54.060000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = NPM_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 55 466.180 931.473 6528261.000 2+ -129.367 273 52 22.800 240 - 248 GPSSVEDIK
MSMS 84 523.460 1568.730 11838260.000 3+ -232.483 4098 43 24.300 33 - 45 VDNDENEHQLSLR
Hepatoma-derived growth factor OS=Homo sapiens GN=HDGF PE=1 SV=1 HDGF_HUMAN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEAAEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPAKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIRDHESL

MW:26771.870
Digest Matches (Score: 404.28)
Score = 404.276667, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1 423.650 846.494 5344708.000 2+ -238.565 16 21 16.500 73 - 79 FGKPNKR
MSMS 133 492.140 983.485 171058160.000 2+ -215.656 38 29 26.500 22 - 29 GYPHWPAR
MSMS 1351044.240 1044.521 34762796.000 1+ -269.057 42 26 26.500 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 125 522.630 1044.521 67133152.000 2+ -256.864 513 75 26.100 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 4 544.610 1088.497 8996087.000 2+ -261.117 73 23 17.700 198 - 208 NSTPSEPGSGR
MSMS 121 551.630 1102.545 196771456.000 2+ -265.206 155 44 25.900 30 - 39 IDEMPEAAVK
MSMS 3 566.100 1131.480 2089556.000 2+ -254.114 262 38 17.300 171 - 180 EAENPEGEEK
MSMS 97 600.670 1200.622 28724540.000 2+ -241.032 214 62 24.800 157 - 167 RAGDLLEDSPK
MSMS 177 692.630 1384.663 51872692.000 2+ -296.554 161 40 28.500 62 - 72 DLFPYEESKEK
MSMS 302 910.200 1819.886 124578152.000 2+ -271.248 51 59 34.900 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 475 910.210 1819.886 3354775.000 2+ -260.252 16 20 43.600 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 262 649.810 1947.981 48056700.000 3+ -290.501 192 42 33.000 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 259 974.230 1947.981 87080608.000 2+ -271.355 16895 87 32.800 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 339 663.480 1988.991 41840340.000 3+ -284.252 84 46 36.500 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 341 994.720 1988.991 35783508.000 2+ -280.592 284 96 36.600 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 68 705.780 2115.902 11067562.000 3+ -272.733 18 33 23.600 106 - 125 KSCVEEPEPEPEAAEGDGDK
MSMS 166 761.110 3042.282 34413256.000 4+ -283.943 143 45 28.000 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 1751014.490 3042.282 41009584.000 3+ -271.686 46 50 28.400 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 1671014.820 3042.282 41009584.000 3+ 53.835 107 57 28.000 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDSEEDEEDDEDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDEDDDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEDDEDEDDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEEPVKEA
PGKRKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGFGGRGGFGGRGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 120.54)
Score = 120.540000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:45
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads+Biotin_BD1_01_1424.d\Beads+Biotin_BD1_01_1424.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 384 631.200 631.352 16267176.000 1+ -241.408 6 7 38.900 136 - 141 NGKNAK
MSMS 18 416.680 832.441 2397589.000 2+ -106.255 94 22 20.300 404 - 410 VTQDELK
MSMS 21 442.720 884.556 3468160.000 2+ -139.936 46 29 20.700 117 - 125 ALVATPGKK
MSMS 87 457.610 914.469 7665677.000 2+ -280.562 4 6 24.400 7 - 15 AGKNQGDPK
MSMS 191 589.640 1178.569 15975798.000 2+ -251.405 272 80 29.100 411 - 420 EVFEDAAEIR
MSMS 291 781.200 1561.681 20211610.000 2+ -184.418 1039 50 34.300 611 - 624 GFGFVDFNSEEDAK
MSMS 392 771.180 2312.156 15399852.000 3+ -272.720 143 47 39.200 298 - 318 VEGTEPTTAFNLFVGNLNFNK
MSMS 406 771.600 2312.156 16341907.000 3+ 272.464 9 10 39.900 298 - 318 VEGTEPTTAFNLFVGNLNFNK
Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 OS=Homo sapiens GN=HNRNPA1 PE=1 SV=5 ROA1_HUMAN
MSKSESPKEPEQLRKLFIGGLSFETTDESLRSHFEQWGTLTDCVVMRDPNTKRSRGFGFVTYATVEEVDAAMNARPHKVDGRVVEPKRAVSREDSQRPGAHLTVKKIFVGGIKEDTEEHHLRDYFEQYGKIEVIEIMT
DRGSGKKRGFAFVTFDDHDSVDKIVIQKYHTVNGHNCEVRKALSKQEMASASSSQRGRSGSGNFGGGRGGGFGGNDNFGRGGNFSGRGGFGGSRGGGGYGGSGDGYNGFGNDGGYGGGGPGYSGGSRGYGSGGQGYGN
QGSGYGGSGSYDSYNNGGGGGFGGGSGSNFGGGGSYNDFGNYNNQSSNFGPMKGGNFGGRSSGPYGGGGQYFAKPRNQGGYGGSSSSSSYGSGRRF

MW:38723.050
Digest Matches (Score: 94.33)
Score = 94.330000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = ROA1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 35 650.160 1299.654 2807928.000 2+ -262.703 44 36 21.700 4 - 14 SESPKEPEQLR
MSMS 30 719.200 1437.744 4555030.000 2+ -244.815 27 23 21.400 93 - 105 EDSQRPGAHLTVK
MSMS 23 847.600 1694.700 1684028.000 2+ -299.568 32772 92 20.900 353 - 370 NQGGYGGSSSSSSYGSGR
40S ribosomal protein S15 OS=Homo sapiens GN=RPS15 PE=1 SV=2 RS15_HUMAN
MAEVEQKKKRTFRKFTYRGVDLDQLLDMSYEQLMQLYSARQRRRLNRGLRRKQHSLLKRLRKAKKEAPPMEKPEVVKTHLRDMIILPEMVGSMVGVYNGKTFNQVEIKPEMIGHYLGEFSITYKPVKHGRPGIGATHS
SRFIPLK

MW:17029.170
Digest Matches (Score: 81.67)
Score = 81.670000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = RS15_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 4201026.710 2053.017 11335481.000 2+ -294.314 810 81 40.700 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK
60S ribosomal protein L31 OS=Homo sapiens GN=RPL31 PE=1 SV=1 RL31_HUMAN
MAPAKKGGEKKKGRSAINEVVTREYTINIHKRIHGVGFKKRAPRALKEIRKFAMKEMGTPDVRIDTRLNKAVWAKGIRNVPYRIRVRLSRKRNEDEDSPNKLYTLVTYVPVTTFKNLQTVNVDEN

MW:14453.930
Digest Matches (Score: 77.95)
Score = 77.950000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = RL31_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 346 822.770 1644.925 19630198.000 2+ -238.465 1161 77 37.000 102 - 115 LYTLVTYVPVTTFK
Tubulin alpha-1A chain OS=Homo sapiens GN=TUBA1A PE=1 SV=1 TBA1A_HUMAN
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 74.54)
Score = 74.540000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 43 455.190 909.504 4356608.000 2+ -144.493 19 21 22.100 157 - 164 LSVDYGKK
MSMS 340 851.260 1701.906 14827317.000 2+ -231.093 4144 74 36.500 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR
40S ribosomal protein S8 OS=Homo sapiens GN=RPS8 PE=1 SV=2 RS8_HUMAN
MGISRDNWHKRRKTGGKRKPYHKKRKYELGRPAANTKIGPRRIHTVRVRGGNKKYRALRLDVGNFSWGSECCTRKTRIIDVVYNASNNELVRTKTLVKNCIVLIDSTPYRQWYESHYALPLGRKKGAKLTPEEEEILN
KKRSKKIQKKYDERKKNAKISSLLEEQFQQGKLLACIASRPGQCGRADGYVLEGKELEFYLRKIKARKGK

MW:24190.160
Digest Matches (Score: 70.28)
Score = 70.280000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = RS8_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 250 859.730 1718.907 11258365.000 2+ -264.523 2048 70 32.500 78 - 92 IIDVVYNASNNELVR
Nucleophosmin OS=Homo sapiens GN=NPM1 PE=1 SV=2 NPM_HUMAN
MEDSMDMDMSPLRPQNYLFGCELKADKDYHFKVDNDENEHQLSLRTVSLGAGAKDELHIVEAEAMNYEGSPIKVTLATLKMSVQPTVSLGGFEITPPVVLRLKCGSGPVHISGQHLVAVEEDAESEDEEEEDVKLLSI
SGKRSAPGGGSKVPQKKVKLAADEDDDDDDEEDDDEDDDDDDFDDEEAEEKAPVKKSIRDTPAKNAQKSNQNGKDSKPSSTPRSKGQESFKKQEKTPKTPKGPSSVEDIKAKMQASIEKGGSLPKVEAKFINYVKNCF
RMTDQEAIQDLWQWRKSL

MW:32554.840
Digest Matches (Score: 65.56)
Score = 65.560000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = NPM_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 55 466.180 931.473 6528261.000 2+ -129.367 273 52 22.800 240 - 248 GPSSVEDIK
MSMS 84 523.460 1568.730 11838260.000 3+ -232.483 4098 43 24.300 33 - 45 VDNDENEHQLSLR
60S ribosomal protein L18 OS=Homo sapiens GN=RPL18 PE=1 SV=2 RL18_HUMAN
MGVDIRHNKDRKVRRKEPKSQDIYLRLLVKLYRFLARRTNSTFNQVVLKRLFMSRTNRPPLSLSRMIRKMKLPGRENKTAVVVGTITDDVRVQEVPKLKVCALRVTSRARSRILRAGGKILTFDQLALDSPKGCGTVL
LSGPRKGREVYRHFGKAPGTPHSHTKPYVRSKGRKFERARGRRASRGYKN

MW:21621.070
Digest Matches (Score: 62.78)
Score = 62.780000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = RL18_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 100 813.250 813.458 18761130.000 1+ -255.646 9 1 25.000 72 - 78 LPGRENK
MSMS 315 730.700 1460.800 11559251.000 2+ -278.662 1061 62 35.400 120 - 132 ILTFDQLALDSPK
MSMS 11 516.520 1547.808 1577263.000 3+ -169.569 43 23 19.700 155 - 168 APGTPHSHTKPYVR
40S ribosomal protein S4, X isoform OS=Homo sapiens GN=RPS4X PE=1 SV=2 RS4X_HUMAN
MARGPKKHLKRVAAPKHWMLDKLTGVFAPRPSTGPHKLRECLPLIIFLRNRLKYALTGDEVKKICMQRFIKIDGKVRTDITYPAGFMDVISIDKTGENFRLIYDTKGRFAVHRITPEEAKYKLCKVRKIFVGTKGIPH
LVTHDARTIRYPDPLIKVNDTIQIDLETGKITDFIKFDTGNLCMVTGGANLGRIGVITNRERHPGSFDVVHVKDANGNSFATRLSNIFVIGKGNKPWISLPRGKGIRLTIAEERDKRLAAKQSSG

MW:29579.050
Digest Matches (Score: 60.32)
Score = 60.320000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = RS4X_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 162 368.610 736.424 12511125.000 2+ -287.237 13 17 27.700 169 - 174 ITDFIK
MSMS 366 943.190 1885.925 33167666.000 2+ -293.103 67 60 38.000 78 - 94 TDITYPAGFMDVISIDK

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -3-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:45
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads+Biotin_BD1_01_1424.d\Beads+Biotin_BD1_01_1424.mgf

40S ribosomal protein S3 OS=Homo sapiens GN=RPS3 PE=1 SV=2 RS3_HUMAN
MAVQISKKKKFVADGIFKAELNEFLTRELAEDGYSGVEVRVTPTRTEIIILATRTQNVLGEKGRRIRELTAVVQKRFGFPEGSVELYAEKVATRGLCAIAQAESLRYKLLGGLAVRRACYGVLRFIMESGAKGCEVVV
SGKLRGQRAKSMKFVDGLMIHSGDPVNYYVDTAVRHVLLRQGVLGIKVKIMLPWDPTGKIGPKKPLPDHVSIVEPKDEILPTTPISEQKGGKPEPPAMPQPVPTA

MW:26671.430
Digest Matches (Score: 54.43)
Score = 54.430000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = RS3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 206 735.700 1470.769 13596297.000 2+ -255.738 28 40 29.700 215 - 227 DEILPTTPISEQK
MSMS 171 787.270 1573.804 14193162.000 2+ -172.663 1037 45 28.200 228 - 243 GGKPEPPAMPQPVPTA

60S ribosomal protein L9 OS=Homo sapiens GN=RPL9 PE=1 SV=1 RL9_HUMAN
MKTILSNQTVDIPENVDITLKGRTVIVKGPRGTLRRDFNHINVELSLLGKKKKRLRVDKWWGNRKELATVRTICSHVQNMIKGVTLGFRYKMRSVYAHFPINVVIQENGSLVEIRNFLGEKYIRRVRMRPGVACSVSQ
AQKDELILEGNDIELVSNSAALIQQATTVKNKDIRKFLDGIYVSEKGTVQQADE

MW:21849.800
Digest Matches (Score: 48.35)
Score = 48.350000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = RL9_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 430 961.920 2884.515 17916378.000 3+ -266.858 30 48 41.100 142 - 168 DELILEGNDIELVSNSAALIQQATTVK

60S ribosomal protein L7a OS=Homo sapiens GN=RPL7A PE=1 SV=2 RL7A_HUMAN
MPKGKKAKGKKVAPAPAVVKKQEAKKVVNPLFEKRPKNFGIGQDIQPKRDLTRFVKWPRYIRLQRQRAILYKRLKVPPAINQFTQALDRQTATQLLKLAHKYRPETKQEKKQRLLARAEKKAAGKGDVPTKRPPVLRA
GVNTVTTLVENKKAQLVVIAHDVDPIELVVFLPALCRKMGVPYCIIKGKARLGRLVHRKTCTTVAFTQVNSEDKGALAKLVEAIRTNYNDRYDEIRRHWGGNVLGPKSVARIAKLEKAKAKELATKLG

MW:29977.020
Digest Matches (Score: 48.14)
Score = 48.140000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = RL7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 31 369.180 737.478 2725912.000 2+ -170.178 41 41 21.400 132 - 137 RPPVLR
MSMS 51 426.230 851.535 6442779.000 2+ -96.629 7 10 22.500 12 - 20 VAPAPAVVK
MSMS 193 608.650 1216.632 15091463.000 2+ -279.147 533 38 29.200 38 - 48 NFGIGQDIQPK

RING finger protein 213 OS=Homo sapiens GN=RNF213 PE=1 SV=2 RN213_HUMAN
MVCDGDWEHCYLPSAFSQHKVFVTPQAPLEAIQAYLAGHYRVPKQTLSAAAVFNDRLCVGIVASERAGVGKSLYVKRLHDKMKMQLNVKNVPLKTIRLIDPQVDESRVLGALLPFLDAQYQKVPVLFHLDVTSSVQTG
IWVFLFKLLILQYLMDINGKMWLRNPCHLYIVEILERRTSVPSRSSSSALRTRVPQFSFLDIFPKVTCRPPKEVIDMELSALRSDTEPGMDLWEFCSETFQRPYQYLRRFNQNQDLDTFQYQEGSVEGTPEECLQHFLF
HCGVINPSWSELRNFARFLNYQLRDCEASLFCNPSFIGDTLRGFKKFVVTFMIFMARDFATPSLHTSDQSPGKHMVTMDGVREEDLAPFSLRKRWESEPHPYVFNDDHTTMTFIGFHLQPNINGSVDAISHLTGKVI
KRDVMTRDLYQGLLLQRVPFNVDFDKLPRHKKLERLCLTLGIPQATDPDKTYELTTDNMLKILAIEMRFRCGIPVIIMGETGCGKTRLIKFLSDLRRGGTNADTIKLVKVHGGTTADMIYSRVREAENVAFANKDQHQ
LDTILFFDEANTTEAISCIKEVLCDHMVDGQPLAEDSGLHIIAACNPYRKHSEEMICRLESAGLGYRVSMEETADRLGSIPLRQLVVRVHALPPSLIPLVWDFGQLSDVAEKLYIQQIVQRLVESISLDENGTRVITE
VLCASQGFMRKTEDECSFVSLRDVERCVKVFRWFHEHSAMLLAQLNAFLSKSSVSKNHTERDPVLWSLMLAIGVCYHASLEKKDSYRKAIARFFPKPYDDSRLLLDEITRAQDLFLDGVPLRKTIAKNLALKENVFMM
VVCIELKIPLFLVGKPGSSKSLAKTIVADAMQGPAAYSDLFRSLKQVHLVSFQCSPHSTPQGIISTFRQCARFQQGKDLQQYVSVVVLDEVGLAEDSPKMPLKTLHPLLEDGCIEDDPAPHKKVGFVGISNWALDPAK
MNRGIFVSRGSPNETELIESAKGICSSDILVQDRVQGYFASFAKAYETVCKRQDKEFFGLRDYYSLIKMVFAAAKASNRKPSPQDIAQAVLRNFSGKDDIQALDIFLANLPEAKCSEEVSPMQLIKQNIFGPSQKVPG
GEQEDAESRYLLVLTKNYVALQILQQTFFEGDQQPEIIFGSGFPKDQEYTQLCRNINRVKICMETGKMVLLLNLQNLYESLYDALNQYYVHLGGQKYVDLGLGTHRVKCRVHPNFRLIVIEEKDVVYKHFPIPLINRL
EKHYLDINTVLEKWQKSIVEELCAWVEKFINVKAHHFQKRHKYSPSDVFIGYHSDACASVVLQVIERQGPRALTEELHQKVSEEAKSILLNCATPDAVVRLSAYSLGGFAAEWLSQEYFHRQRHNSFADFLQAHLHTA
DLERHAIFTEITTFSRLLTSHDCEILESEVTGRAPKPTLLWLQQFDTEYSFLKEVRNCLTNTAKCKILIFQTDFEDGIRSAQLIASAKYSVINEINKIRENEDRIFVYFITKLSRVGRGTAYVGFHGGLWQSVHIDDL
RRSTLMVSDVTRLQHVTISQLFAPGDLPELGLEHRAEDGHEEAMETEASTSGEVAEVAEEAMETESSEKVGKETSELGGSDVSILDTTRLLRSCVQSAVGMLRDQNESCTRNNRRVVLLLGLLNEDDACHASFLRVSK
MRLSVFLKKQEESQFHPLEWLAREACNQDALQEAGTFRHTLWKRVQGAVTPLLASMISFIDRDGNLELLTRPDTPPWARDLWMFIFSDTMLLNIPLVMNNERHKGEMAYIVVQNHMNLSENASNNVPFSWKIKDYLEE
LWVQAQYITDAEGLPKKFVDIFQQTPLGRFLAQLEPKPMQYQQELLQCYLKDPIILTMRVKTEEELKFLQMALWSCTRKLKAASEAPEEEVSLPWVHLAYQRFRSRLQNFSRILTIYPQVLHSLMEARWNHELAGCEMTLD
AFAAMACTEMLTRNTLKPSPQAWLQLVKNLSMPLELICSDEHMQGSGSLAQAVIREVRAQWSRIFSTALFVEHVLLGTESRVPELQGLVTEHVFLLDKCLRENSDVKTHGPFEAVMRTLCECKETASKTLSRFGIQPC
SICLGDAKDPVCLPCDHVHCLRCLRAWFASEQMICPYCLTALPDEFSPAVSQAHREAIEKHARFRQMCNSFFVDLVSTICFKDNAPPEKEVIESLLSLLFVQKGRLRDAAQRHCEHTKSLSPFNDVVDKTPVIRSVIL
KLLLKYSFHDVKDYIQEYLTLLKKKAFITEDKTELYMLFINCLEDSILEKTSAYSRNDELNHLEEEGRFLKAYSPASRGREPANEASVEYLQEVARIRLCLDRAADFLSEPEGGPEMAKEKQCYLQQVKQFCIRVEND
WHRVYLVRKLSSQRGMEFVQGLSKPGRPHQWVFPKDVVKQQGLRQDHPGQMDRYLVYGDEYKALRDAVAKAVLECKPLGIKTALKACKTPQSQQSAYFLLTLFREVAILYRSHNASLHPTPEQCEAVSKFIGECKILS
PPDISRFATSLVDNSVPLLRAGPSDSNLDGTVTEMAIHAAAVLLCGQNELLEPLKNLAFSPATMAHAFLPTMPEDLLAQARRWKGLERVHWYTCPNGHPCSVGECGRPMEQSICIDCHAPIGGIDHKPRDGFHLVKDK
ADRTQTGHVLGNPQRRDVVTCDRGLPPVVFLLIRLLTHLALLLGASQSSQALINIIKPPVRDPKGFLQQHILKDLEQLAKMLGHSADETIGVVHLVLRRLLQEQHQLSSRRLLNFDTELSTKEMRNNWEKEIAAVISP
ELEHLDKTLPTMNNLISQDKRISSNPVAKIIYGDPVTFLPHLPRKSVVHCSKIWSCRKRITVEYLQHIVEQKNGKERVPILWHFLQKEAELRLVKFLPEILALQRDLVKQFQNVQQVEYSSIRGFLSKHSSDGLRQLL
HNRITVFLSTWNKLRRSLETNGEINLPKDYCSTDLDLDTEFEILLPRRRGLGLCATALVSYLIRLHNEIVYAVEKLSKENNSYSVDAAEVTELHVISYEVERDLTPLILSNCQYQVEEGRETVQEFDLEKIQRQIVSR
FLQGKPRLSLKGIPTLVYRHDWNYEHLFMDIKNKMAQDSLPSSVISAISGQLQSYSDACEVLSVVEVTLGFLSTAGGDPNMQLNVYTQDILQMGDQTIHVLKALNRCQLKHTIALWQFLSAHKSEQLLRLHKEPFGEI
SSRYKADLSPENAKLLSTFLNQTGLDAFLLELHEMIILKLKNPQTQTEERFRPQWSLRDTLVSYMQTKESEILPEMASQFPEEILLASCVSVWKTAAVLKWNREMR

MW:373741.600
Digest Matches (Score: 47.94)
Score = 47.940000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = RN213_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 206 735.700 1470.791 13596297.000 2+ -271.006 62 47 29.700 2914 - 2926 RSLETNGEINLPK
MSMS 413 793.960 2379.168 11750121.000 3+ 293.158 4 8 40.200 1081 - 1101 CSEEVSPMQLIKQNIFGPSQK 8: Oxidation (M)

TRANSLATION INITIATION FACTOR EIF-2B SUBUNIT EPSILON OS=HOMO SAPIENS GN=EIF2B5 PE=1 SV=3 EI2BE_HUMAN
MAAPVVAPPGVVVSRANKRSGAGPGGSGGGGARGAEEEPPPPLQAVLVADSFDRRFFPISKDQPRVLLPLANVALIDYTLEFLTATGVQETFVFCCWKAAQIKEHLLKSKWCRPTSLNVVRIITSELYRSLGDVLRDV
DAKALVRSDFLLVYGDVISNINITRALEEHRLRRKLEKNVSVMTMIFKESSPSHPTRCHEDNVVVAVDSTTNRVLHFQKTQGLRRFAFPLSLFQGSSDGVEVRYDLLDCHISICSPQVAQLFTDNFDYQTRDDFVRGL
LVNEEILGNQIHMHVTAKEYGARVSNLHMYSAVCADVIRRWVYPLTPEANFTDSTTQSCTHSRHNIYRGPEVSLGHGSILEENVLLGSGTVIGSNCFITNSVIGPGCHIGDNVVLDQTYLWQGVRVAAGAQIHQSLLC
DNAEVKERVTLKPRSVLTSQVVVGPNITLPEGSVISLHPPDAEEDEDDGEFSDDSGADQEKDKVKMKGYNPAEVGAAGKGYLWKAAGMNMEEEEELQQNLWGLKINMEEESESESEQSMDSEEPDSRGGSPQMDDIKV
FQNEVLGTLQRGKEENISCDNLVLEINSLKYAYNISLKEVMQVLSHVVLEFPLQQMDSPLDSSRYCALLLPLLKAWSPVFRNYIKRAADHLEALAAIEDPFLEHEALGISMAKVLMAFYQLEILAEETILSWFSQRDT
TDKGQQLRKNQQLQRFIQWLKEAEEESSEDD

Digest Matches (Score: 47.37)
Score = 47.370000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = EI2BE_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 97 600.670 1200.583 28724540.000 2+ -208.502 34 47 24.800 19 - 33 RSGAGPGGSGGGGGAR
MSMS 400 925.670 2774.447 15538931.000 3+ 197.699 11 9 39.600 146 - 169 SDFLLVYGDVISNINITRALEEHR

Dynein heavy chain 1, axonemal OS=Homo sapiens GN=DNAH1 PE=1 SV=4 DYH1_HUMAN
MEQPNSKGYSLGRTPQGPECSSAPAVQVGTHRGLEYNPGKILPGSDYGLGNFPALDPKLPHLPLPPAPPTLSDLGQPRKSPLTGTDKKYPLMKQRGFYSDILSPGTLDQLGEVCRGPRMSQNLLRQADLDKFTPRVGS
FEVPEDPQERMEQQCIGSTTRLLAQTDFPLQAYEPKMQVPFQVLPGQHPRKLEIERRKQQYLSLDIEQLLFSQGIDSNKLMPRHLDHQHPQTIEQGHDPIFPIYLPLKVFDNEDFDCRTPREWINMGLEPGSLDRKPV
PGKALLPTDDFLGHEDPKSQKLKYKWCEVGVLDYDEEKKLYLVHKTDEKGLVRDEMGRPILNAGVTTEGRPPLQVCQYWVPRIQLLFCAEDPCMFAQRVVQANALRKNTEALLLYNLYVDCMPSDGQHVISEQSLSKI
KQWALSTPRMRKGPSVLEHLSSLAREVSLDYERSMNKINFDHVVSSKPETFSYVTLPKKEEEQVPERGLVSVPKYHFWEQKEDFTFVSLLTRPEVITALSKVRAECNKVTAMSLFHSSLSKYSHLEEFEQIQSQTFSQ
VQMFLKDSWISSLKVAMRSSLRDMSKGWYNLYETNWEVYLMSKLRKLMELVKYMLQDTLRFLVQDSLASFSQFISDTCCSVLNCTDDMVWGDDLINSPYRPRKNPLFIMDLVLDSSGVHYSTPLEQFEASLLNLFDKG
ILATHAVPQLEKLVMEDIFISGDPLLESVGLHEPLVEELRATIASAVSKAMIPLQAYAKEYRKYLELNNNDIASFLKTYQTQGLLAQEVREVVLTHLREKEILDSSLPSSIIIGPFYINTDNVKQSLSKKRKALATSV
LDILAKNLHKEVDSICEEFRSISRKIYEKPNSIEELAELREWMKGIPERLVGLEERIVKVMDDYQVMDEFLYNLSSDDFNDKWIASNWPSKILGQIELVQQQHVEDEEKFRKIQIMDQNNFQEKLEGLQLVVAGFSIH
VEISRAHEIANEVRRVKKQLKDCQQLAMLYNNRERIFSLPITNYDKLSRMVKEFQPYLDLWTTASDWLRWSESWMNDPLSAIDAEQLEKNVVEAFKTMHKCVKQFKDMPACQEVALDIRARIEEFKPYIPLIQGLRNP
GMRIRHWETLSNQININVRPKANLTFARCLEMNLQDHIESISKVAEVAGKEYAIEQALDKMEKEWSTILFNVLPYKATDTYILKSPDEASQLLDDHIVMTQNMSFSPYKKPFEQRINSWENKLKLTQEVLEEWLNCQR
SWLYLEPIFSSEDINQQLPVESKRYQTMERIWKKIMKNAYENREVINVCSDLRMLDSLRDCNKILDLVQKGLSEYLETKRSAFPRFYFLSDDELLEILSQTKDPTAVQPHLRKCFENIARLLFQEDLEITHMYSAEGE
EVQLCFSIYPSSNVEDWLREVERSMKASVHDIIEKAIRAYPTMPRTQWVLNWPGQVTIAGCQTYWTMEVAEALEAGNLRSQLFPQLCQQLSDLVALVRGKLSRMQRAVLSALIVIEVHAKDVVSKLIQENVVSVNDFQ
WISQLRYYWTNNDLYIRAVNAEFIYGYEYLGNSGRLVITPLTDRCYLTLTGALHLKFGGAPAGPAGTGKTETTKDLGKALAIQTVVFNCSDQLDFMAMGKFFKGLASAGAWACFDEFNRIDIEVLSVVAQQITTIQKA
QQQRVERFMFEGVEIPLVPSCAVFITMNPGYAGRTELPDNLKALFRPVAMMVPDYAMITEISLYSPGFNEASVLAKKITTTFKLSSEQLSSQDHYDFGMRAVKTVISAAGNLKRENPSWNEELICLRAIRDVNVPKFL
QEDLKLFSGIVSDLFPTIKEEDTDYGILDEAIREACRNSNLKDVEGFLTKCIQLYETTVVRHGLMLVGPTGSGKSTCYRVLAAAMTSLKGQPSISGGMYEAVNYYVLNFKSITMGQLYGEFDLLTHEWTDGIFSSFIR
AGAITSDTNKKWYMFDGPVDAIWINNMNTVLDDNKKLCLSSGEIIKLTEAMTMMFEVQDLAVASPATVSRCGMVYLEPSILGLMPFIECWLRKLPPLLKPYEEHPKALFVSFLEESISFVRSSVKEVIASTNCNLTMS
LLKLLDCFFKPFLPREGLKKIPSEKLSRIVELIEPWFIFSLIWSVGATGDSSGRTSFSHWLRLKMENEQLTLLFPEEGLVFDYRLEDAGISGTNDSEDEEEEYKQVAWVKWMDSSAPFTMVPDTNYCNIIVPTMDTVQ
MSHLLDMLLTNKKPVLCIGPTGTGKTLTISDKLLKNLALDYISHFLTFSARTSANQTQDFIDSKLDKRRKGVFGPPLGRNFIFFIDDLNMPALETYGAQPPIELLRQWMDHGGWYDRKIIGAFKNLVDINFVCAMGPP
GGGRNTVTPRLMRHFNYLSFAEMDEVSKKRIFSTILGNWLDGLLGEKSYRERVPGAPHIAHFTEPLVEATIMVYATITSQLLPTPAKSHYTFNLRDLSKVFQGMLMADPAKVEDQVQLLRLWYHENCRVFRDRLVNEE
DRSWFDQLLKRCMEQWEVTFNKVCPFQPILYGDFMSPGSDVKSYELITSESKMMQVIEEYIEDYNQINTAKLKLVLFMDAMSHICRISRTLRQALGNALLLGVGGSGRSSLTRLASHMAEYECFQIELSKNYGMSEWR

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:45
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads+Biotin_BD1_01_1424.d\Beads+Biotin_BD1_01_1424.mgf

DDVKKVLLKAGLQNLPITFLFSDTQIKNESFLEDINNVLNSGDIPNLYTADEQDQIVSTMRPYIQEQGLQPTKANLMAAYTGRVRSNIHMVLCMSPIGEVFRARLRQFPSLVNCCTIDWFNEWPAEALKSVATVFLNE
IPELESSQEEIQGLIQVCVYIHQSVSKKCIEYLAELTRHNYVTPKSYLELLHIFSILIGQKKLELKTAKNRMKSGLDKLLRTSEDVAKMQEDLESMHPLLEEAAKDTMLTMEQIKVDTAIAEETRNSVQTEEIKANEK
AKKAQAIADDAQKDLDEALPALDAALASLRNLNKNDVTEVRAMQRPPPGVKLVIEAVCIMKGIKPKKVPGEKPGTKVDDYWEPGKGLLQDPGHFLESLFKFDKDNIGDVVIKAIQPYIDNEEFQPATIAKVSKACTSI
CQWVRAMHKYHFVAKAVEPKRQALLEAQDDLGVTQRILDEAKQRLREVEDGIATMQAKYRECITKKEELELKCEQCEQRLGRAGKVRTLLLQGLQAGPAQTGARKDQGAGGSWGGCPHPLPGNPGATVGRASPRPLAQ
PPRAHPTGLPLQLINGLSDEKVRWQETVENLQYMLNNISGDVLVAAGFVAYLGPFTGQYRTVLYDSWVKQLRSHNVPHTSEPTLIGTLGNPVKIRSWQIAGLPNDTLSVENGVINQFSQRWTHFIDPQSQANKWIKNM
EKDNGLDVFKLSDRDFLRSMENAIRFGKPCLLENVGEELDPALEPVLLKQTYKQQGNTVLKLGDTVIPYHEDFRMYITTKLPNPHYTPEISTKLTLINFTLSPSGLEDQLLGQVVAEERPDLEEAKNQLIISNAKMRQ
ELKDIEDQILYRLSSSEGNPVDDMELIKVLEASKMKAAEIQAKVRIAEQTEKDIDLTRMEYIPVAIRTQILFFCVSDLANVDPMYQYSLEWFLNIFLSGIANSERADNLKKRISNINRYLTYSLYSNVCRSLFEKHKL
MFAFLLCVRIMMNEGKINQSEWRYLLSGGSISIMTENPAPDWLSDRAWRDILALSNLPTFSSFSSDFVKHLSEFRVIFDSLEPHREPLPGIWDQYLDQFQKLLVLRCLRGDKVTNAMQDFVATNLEPRFIEPQTANLS
VVFKDSNSTTPLIFVLSPGTDPAADLYKFAEEMKFSKKLSAISLGQGGQGPRAEAMMRSSIERGKWVFFQNCHLAPSWMPALERLIEHINPDKVHRDFRLWLTSLPSNKFPVSILQNGSKMTIEPPRGVRANLLKSYSS
LGEDFLNSCHKVMEFKSLLLSLCLFHGNALERHKFGPLGFNIPYEFTDGDLRICISQLKMFLDEYDDIPYKVLKYTAGEINYGGRVTDDWDRRCIMNILEDFYNPDVLSPEHSYSASGIYHQIPPTYDLHGYLSYIKS
LPLNDMPEIFGLHDNANITFAQNETFALLGTIIQLQPKSSSAGSQGREEIVEDVTQNILLKVPEPINLQWVMAKYPVLYEESMNTVLVQEVIRYNRLLQVITQTLQDLLKALKGLVVMSSQLELMAASLYNNTVPELW
SAKAYPSLKPLSSWVMDLLQRLDFLQAWIQDGIPAVFWISGFFPQAFLTGTLQNFARKFVISIDTISFDFKVMFEAPSELTQRPQVGCYIHGLFLEGARWDPEAFQLAESQPKELYTEMAVIWLLPTPNRKAQDQDF
YLCPIYKTLTRAGTLSTTGHSTNYVIAVEIPTHQPQRHWIKRGVALICALDY

MW:493636.750
Digest Matches (Score: 45.49)
Score = 45.490000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = DYH1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 214 828.640 828.519 24238390.000 1+ 146.321 16 15 30.700 1306 - 1312 ILDLVQK
MSMS 71 444.170 887.495 12628927.000 2+ -182.496 33 35 23.800 3366 - 3373 QQGNTVLK
MSMS 15 444.210 887.495 1467046.000 2+ -92.252 23 42 20.000 3366 - 3373 QQGNTVLK
UPF0606 protein C11orf41 OS=Homo sapiens GN=C11orf41 PE=2 SV=2 CK041_HUMAN
MDHTASQNAQDLIGIPHLGVSGSSTKWHSELSPTEGPHSAGSSTPGFLSPMAELSHPSPPPPALGSLLQLPDGSPSWSMLEVASGPASTQQIKAGVPGRVHNGVSLPTFKNTETATHEAEPPLFQTAESGAIEMTSRK
LASATANDSANPLHLSAAPENSRGPALSAEHTSSLVPSLHITTLGQEQAILSGAVPASPSTGTADFPSILTFLQPTENHASPSPVPEMPTLPAEGSDGSPPATRDLLLSSKVPNLLSTSWTFPRWKKDSVTAILGKNE
EANVTIPLQAFPRKEVLSLHTVNGFVSDFSTGSVSSPIITAPRTNPLPSGPPLPSILSIQATQTVFPSLGFSSTKPEAYAAAVDHSGLPASASKQVRASPSSMDVYDSLTIGDMKKPATTDVFWSSLSAETGSLSTES
IISGLQQQTNYDLNGHTISTTSWETHLAPTAPPNGLTSAADAIKSQDFKDTAGHSVTAEGFSIQDLVLGTSIEQPVQQSDMTMVGSHIDLWPTSNNNHSRDFQTAEVAYYSPTTRHSVSHPQLQLPNQPAHPLLLTSP
GPTSTGSLQEMLSDGTDTGSEISSDINSSPERNASTPFQNILGYHSAAESSISTSVFPRTSSRVLRASQHPKKWTADTVSSKVQPTAAAAVTLFLRKSSPPALSAALVAKGTSSSPLAVASGPAKSSSMTTLAKNVTN
KAASGPKRTPGAVHTAFPFTPTYMYARTGHTTSTHTAMQGNMDTASGLLSTTYLPRKPQAMHTGLPNPTNLEMPRASTPRPLTVTAALTSITASVKATRLPPLRAENTDAVLPAASAAVVTTGKMASNLECQMSSKLL
VKTVLFLTQRRVQISESLKFSIAKGLTQALRKAFHQNDVSAHVDILEYSHNVTVGYYATKGKLVYLPAVVIEMLGVYGVSNVTADLKQHTPHLQSVAVLASPWNPQPAGYFQLKTVLQFVSQADNIQSCKFAQTMEQR
LQKAFQDAERKVLNTKSNLTIQIVSTSNASQAVTLVYVVGNQSTFLNGTVASSLLSQLSAELVGFYLTYPPLTIAEPLEYPNLDISETTRDYWVITVLQGVDNSLVGLHNQSFARVMEQRLAQLFMMSQQQGRRFKRA
TTLGSYTVQMVKMQRVPGPKDPAELTYYTLYNGKPLLGTAAAKILSTIDSQRMALTLHHVVLLQADPVVKNPPNNLWIIAAVLAPIAVVTVIIIIITAVLCRKNKNDFKPDTMINLPQRAKPVQGFDYAKQHLGQQGA
DEEVIPVTQETVVLPLPIRDAPQERDVAQDGSTIKTAKSTETRKSRSPSENGSVISNESGKPSSGRRSPQNVMAQQKVTKEEARKRNVPASDEEEGAVLFDNSSKVAAEPFDTSSGSVQLIAIKPTALPMVPPTSDRS
QESSAVLNGEVNKALKQKSDIEHYRNKLRLKAKRKGYYDFPAVETSKGLTERKKMYEKAPKEMEHVLDPDSELCAPFTESKNRQQMKNSVYRSRQSLNSPSPGETEMDLLVTRERPRGIRNSGYDTEPEIIEETNID
RVPEPRGYSRSRQVKGHSETSTLSSQPSIDEVRQQMHMLLEEAFSLASAGHAGQSRHQEAYGSAQHLPYSEVVTSAPGTMTRPRAGVQWVPTYRPEMYQYSLPRPAYRFSQLPEMVMGSPPPPVPPRTGPVAVASLRR
STSDIGSKTRMAESTGPEPAQLHDSASFTQMSRGPVSVTQLDQSALNYSGNTVPAVFAIPAANRPGFTGYFIPTPPSSYRNQAWMSYAGENELPSQWADSVPLPGYIEAYPRSRYPQSSPSRLPRQYSQPANLHPSLE
QAPAPSTAASQQSLAENDPSDAPLTNISTAALVKAIREEVAKLAKKQTDMFEFQV

MW:198875.970
Digest Matches (Score: 45.09)
Score = 45.090000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = CK041_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 71 444.170 887.520 12628927.000 2+ -210.822 45 40 23.800 1832 - 1839 EEVAKLAK
MSMS 15 444.210 887.520 1467046.000 2+ -120.580 35 37 20.000 1832 - 1839 EEVAKLAK
60S ribosomal protein L4 OS=Homo sapiens GN=RPL4 PE=1 SV=5 RL4_HUMAN
MACARPLISVYSEKGESSGKNVTLPAVFKAPIRPDIVNFVHTNLRKNNRQPYAVSELAGHQTSAESWGTGRAVARIPRVRGGGTHRSGQGAFGNMCRGGRMFAPTKTWRRWHRRVNTTQKRYAICSALAASALPALVM
SKGHRIEEVPELPLVVEDKVEGYKKTKEAVLLLKKLKAWNDIKKVYASQRMRAGKGKMRNRRRIQRRGPCIIYNEDNGIIKAFRNIPGITLLNVSKLNILKLAPGGHVGRFCIWTESAFRKLDELYGTWRKAASLKSN
YNLPMHKMINTDLSRILKSPEIQRALRAPRKKIHRRVLKKNPLKNLRIMLKLNPYAKTMRRNTILRQARNHKLRVDKAAAAAAALQAKSDEKAAVAGKKPVVGKKGKKAAVGVKKQKKPLVGKKAAATKKPAPEKKPA
EKKPTTEEKKPAA

MW:47667.430
Digest Matches (Score: 44.43)
Score = 44.430000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = RL4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 9 432.280 863.485 1118660.000 2+ 78.967 264 44 19.300 240 - 248 LAPGGHVGR
DEDICATOR OF CYTOKINESIS PROTEIN 3 OS=HOMO SAPIENS GN=DOCK3 PE=1 SV=1 DOCK3_HUMAN
MWTPTEEEKYGVVICSFRGSVPQGLVLEIGETVQILEKCEGWYRGVSTKKPNVKGIFPANYIHLKKAIVSNRGQYETVVPLEDSIVTEVTATLQEWASLWKQLYVKHKVDLFYKLRHVMNELIDLRRQLLSGHLTQDQ
VREVKRHITVRLDWGNEHLGLDLVPRKDPEVVDSDQISVSDLYKMHLSSRQSVQQSTSQVDTMRPRHGETCRMPVPHHFFLSLKSFTYNTIGEDTDVFPSLYDMREGKQISERFLVRLNRNGGPRNPEKIERMCALFT
DLSSKDMKRDLYIVAHVIRIGRMLLNDSKKGPPHLHYRRPYGCAVLSILDVLQSLTEVKEEKDFVLKVYTCNNESEWSQIHENIIRKSSAKYSAPSASHGLIISLQLLRGDMEQIRRENPMIFNRGLAITRKLGFPDV
IMPGDIRNDLYLTLEKGDFERGGKSVQKNIEVTMYVLYADGEILKDCISLGSGEPNRSSYHSFVLYHSNSPRWGEIIKLPIPIDRFRGSHLRFEFRHCSTKDKGEKKLFGFAFSTLMRDDGTTLSDDIHELYVYKCDE
NSTFNNHALYLGLPCCKEDYNGCPNIPSSLIFQRSTKESFFISTQLSSTKLTQNVDLLALLKWKAFPDRIMDVLGRLRHVSGEEIVKFLQDILDTLFVILDDNTEKYGLLVFQSLVFIINLLRDIKYFHFRPVMDTYI
QKHFAGALAYKELIRCLKWYMDCSAELIRQDHIQEAMRALEYLFKFIVQSRILYSRATCGMEEEQFRSSIQELFQSIRFVLSLDSRNSETLLFTQAALLNSFPTIFDELLQMFTVQEVAEFVRGTLGSMPSTVHIGQS
MDVVKLQSIARTVDSRLFSFSESRRILLPVVLHHIHLHLRQQKELLICSGILGSIFSIVKTSSLEADVMEEVEMMVESLLDVLLQTLLTIMSKSHAQEAVRGQRCPQCTAEITGEYVSCLLSLLRQMCDTHFQHLLDN
FQSKDELKEFLLKIFCVFRNLMKMSVFPRDWMVMRLLTSNIIVTTVQYLSSALHKNFTETDFDFKVWNSYFSLAVLFINQPSLQLEIITSAKRKKILDKYGDMRVMMAYELFSMWQNLGEHKIHFIPGMIGPFLGVTL
VPQPEVRNIMIPIFHDMMDWEQRKNGNFKQVEAELIDKLDSMVSEGKGDESYRELFSLLTQLFGPYPSLLEKVEQETWRETGISFVTSVTRLMERLLDYRDCMKGEETENKKIGCTVNLMNFYKSEINKEEMYIRYIH
KLCDMHLQAENYTEAAFTLLLYCELLQWEDRPLREFLHYPSQTEWQRKEGLCRKIIHYFNKGKSWEFGIPLCRELACQYESLYDYQSLSWIRKMEASYYDNIMEQQRLEPEFFRVGFYGRKFPFFLRNKEYVCRGHDY
ERLEAFQQRMLSEFPQAVAMQHPNHPDDAILQCDAQYLQIYAVTPIPDYVDVLQMDRVPDRVKSFYRVNNVRKFRYDRPFHKGPKDKENEFKSLWIERTTLTLTHSLPGISRWFEVERRELVEVSPLENAIQVVENKN
QELRSLISQYQHKQVHGNINLLSMCLNGVIDAAVNGGIARYQEAFFDKDYINKHHPGDAEKITQLKELMQEQVHVLGVGLAVHEKFVHPEMRPLHKKLIDQFQMMRASLYHEFPGLDKLSPACSGTSTPRGNVLASHSP
MSPESIKMTRHHSPMNLMGTGRHSSSSSLSSHASSEAGNMVMLGDGSMGDAPEDLYHHMQLAYPNPRYQGSVTNVSVLSSSQASPSSSSLSSTHSAPSQMITSAPSSARGSPSLPDKYRHAREMMLLLPTYRDRPSSAM
YPAAILENGQPPNFQRALFQQVVGACKPCSDPNLSVAEKGHYSLHFDAFHHPLGDTPPALPARTLRKSPLHPIPASPTSPQSGLDGSNSTLSGSASSGVSSLSESNFGHSSEAPPRTDTMDSMPSQAWNADEDLEPPY
LPVHYSLSESAVLDSIKAQPCRSHSAPGCVIPQDPMDPPALPPKPYHPRLPALEHDEGVLLREETERPRGLHRKAPLPPGSAKEEQARMAWEHGRGEQ

Digest Matches (Score: 42.60)
Score = 42.600000, Rank = 19, Database = SwissProt, Accesskey = DOCK3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 125 522.630 1044.557 67133152.000 2+ -291.714 266 42 26.100 1134 - 1142 QVEAELIDK
MSMS 2371030.270 2060.015 16119757.000 2+ -234.285 14 11 32.000 814 - 833 GTLGSMPSTVHIGQSMDVVK 16: Oxidation (M)
MSMS 3611046.170 2091.945 55109792.000 2+ -292.768 1 4 37.800 1112 - 1127 NIMIPIFHDMMDWEQR 3: Oxidation (M)
INSULIN-LIKE GROWTH FACTOR 2 MRNA-BINDING PROTEIN 3 OS=HOMO SAPIENS GN=IGF2BP3 PE=1 SV=2 IF2B3_HUMAN
MNKLYIGNLSENAAPSDLESIFKDAKIPVSGPFLVKTGYAFVDCPDESWALKAIEALSGKIELHGKPIEVEHSVPKRQRIRKLQIRNIPPHLQWEVLDSLLVQYGVVESCEQVNTDSETAVVNVTYSSKDQARQALDK
LNGFQLENFTLKVAYIPDEMAAQQNPLQQPRGRRGLGQRGSSRQGSPGSVSKQKPCDLPLRLLVPTQFVGAIIGKEGATIRNITKQTQSKIDVHRKENAGAAEKSITILSTPEQTSAACKSILEIMHKEAQDIKFTEE
IPLKILAHNNFVGRLIGKEGRNLKKIEQDTDTKITISPLQELTLYNPERTITVKGNVETCAKAEEEIMKKIRESYENDIASMNLQAHLIPGLNLNALGLFPPTSGMPPPTSGPPSAMTPPYPQFEQSETETVHLFIPA
LSVGAIIGKQGQHIKQLSRFAGASIKIAPAEEAPDAKVRMVIITGPPEAQFKAQGRIYGKIKEENFVSPKEEVKLEAHIRVPSFAAGRVIGKGGKTVNELQNLSSAEVVVPRDQTPDENDQVVVKITGHFYACQVAQRK
IQEILTQVKQHQQQKALQSGPPQSRRK

Digest Matches (Score: 40.58)
Score = 40.580000, Rank = 20, Database = SwissProt, Accesskey = IF2B3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1351044.240 1044.543 34762796.000 1+ -290.576 36 22 26.500 130 - 138 DQARQALDK
MSMS 125 522.630 1044.543 67133152.000 2+ -278.382 40 40 26.100 130 - 138 DQARQALDK

Abbildung 8-6: Mascot-Report HDGF Strep-tag Eluat 2.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:41
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads_direkt_BD2_01_1425.d\Beads_direkt_BD2_01_1425.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:
Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008 MH+ (mono): 1.008
MH+ (avg): 1.008 Tolerance (Da): 1.000 Number of Peaks: 0
Above Threshold: 0 Assigned Peaks: 0

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Hepatoma-derived growth factor OS=Homo sapiens GN=HDGF PE=1 SV=1 HDGF_HUMAN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEAAEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPAKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIRDHESL

MW:26771.870
Digest Matches (Score: 410.27)
Score = 410.266667, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 134 492.130 983.485 115253448.000 2+ -236.013 35 30 25.100 22 - 29 GYPHWPAR
MSMS 118 522.650 1044.521 115820824.000 2+ -218.532 641 65 24.500 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 5 544.640 1088.497 28082308.000 2+ -205.944 18 19 16.100 198 - 208 NSTPSEPGSGR
MSMS 56 559.630 1118.540 14857990.000 2+ -256.863 145 35 21.300 30 - 39 IDEMPEAAVK 4: Oxidation (M)
MSMS 94 600.660 1200.622 90817992.000 2+ -257.704 1158 73 23.000 157 - 167 RAGDLLEDSPK
MSMS 111 621.660 1242.620 51525212.000 2+ -247.512 265 52 24.000 20 - 29 MKGYPHWPAR
MSMS 166 692.660 1384.663 247452368.000 2+ -253.191 260 53 26.600 62 - 72 DLFPYEESKEK
MSMS 306 607.140 1819.886 63163552.000 3+ -264.252 68 13 32.800 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 303 910.210 1819.886 172062512.000 2+ -260.252 100 51 32.600 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 215 647.500 1941.000 35232140.000 3+ -265.084 45 14 28.500 181 - 197 EAATLEVERPLPMEVEK
MSMS 266 974.230 1947.981 168581744.000 2+ -271.355 9222 100 30.800 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 263 649.830 1947.981 146558192.000 3+ -259.684 105 45 30.600 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 335 994.730 1988.991 152280464.000 2+ -270.532 334 110 34.200 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 493 663.490 1988.991 7121166.000 3+ -269.162 71 27 44.000 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 493 663.490 1988.991 7121166.000 3+ -269.162 71 31 44.000 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 436 994.800 1988.991 11402666.000 2+ -200.109 167 79 38.700 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 498 663.540 1988.991 8167357.000 3+ -193.708 41 29 44.700 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 491 995.180 1988.991 5708132.000 2+ 182.188 221 77 43.600 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 463 995.210 1988.991 13684115.000 2+ 212.369 211 91 40.100 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 1651014.510 3042.282 48792052.000 3+ -251.958 1047 67 26.400 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 2261018.200 3053.462 142607616.000 3+ -287.119 7 25 29.000 171 - 197 EAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEK
Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDDSEEDEEDDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDEDDEDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEDDEDEDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEEPVKEA
PGKRKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGRGGFGGRGGRGGFGGRGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 164.49)
Score = 164.490000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 58 643.260 643.377 17814850.000 1+ -182.678 17 7 21.400 81 - 87 AAVTPGK
MSMS 207 469.190 937.499 27211820.000 2+ -134.764 257 29 28.200 325 - 333 TGISDVFAK
MSMS 247 940.300 940.514 25701318.000 1+ -227.590 64 14 30.000 430 - 437 GIAYIEFK
MSMS 163 500.700 1000.542 38655960.000 2+ -149.534 161 32 26.400 334 - 342 NDLAVVDVR
MSMS 57 699.150 1397.643 16888570.000 2+ -250.835 156 59 21.400 438 - 449 TEADAEKTFEEK
MSMS 301 825.110 1648.738 47637288.000 2+ 288.290 259 28 32.500 349 - 362 FGYVDFESAEDLEK
MSMS 4311250.800 2501.266 12715822.000 2+ -269.168 8245 119 38.400 487 - 508 TLVLSNLSYSATEETLQEVFEK
MSMS 433 834.220 2501.266 24977540.000 3+ -248.081 98 70 38.500 487 - 508 TLVLSNLSYSATEETLQEVFEK
Tubulin alpha-1B chain OS=Bos taurus PE=1 SV=2 TBA1B_BOVIN
MRECISIHVQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLISQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRSIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50119.600
Digest Matches (Score: 146.08)
Score = 146.080000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1B_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 424 744.260 1487.879 37941720.000 2+ -246.440 193 124 38.100 230 - 243 LISQIVSSITASLR
MSMS 339 851.220 1701.906 32993242.000 2+ -278.127 1061 62 34.400 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR
MSMS 252 912.750 1824.985 34460144.000 2+ -270.133 39 22 30.200 353 - 370 VGINYQPPTVVPGGDLAK
Nucleolin OS=Mus musculus GN=Ncl PE=1 SV=2 NUCL_MOUSE
MVKLAKAGKTHGEAKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEDDSSGEEEVVIPQKKGKKATTTPAKKVVVSQTKKAAVPTPAKKAAVTPGKKAVATPAKKNITPAKVIPTPGKKGAAQAKALVPTPGKKGAATPAKGAKNGK
NAKKEDSDEDEDEEDEDDDSDEDEDDEEEDEFEPPIVKGVKPAKAAPAAPASEDEEDDEDEDDEEDDDEEEEDDSEEEVMEITTAKGKKTPAKVVPMKAKSVAEEEDDEEEDEDDEDDEDDEEEDDDDEEEEEEEPVK
AAPGKRKKEMTKQKEAPEAKKQKVEGSEPTTPFNLFIGNLNPNKSVNELKFAISELFAKNDLAVVDVRTGTNRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGRDSKKVRAARTLLAKNLSFNITEDELKEV
FEDAMEIRLVSQDGKSKGIAYIEFKSEADAEKNLEEKQGAEIDGRSVSLYYTGEKGQRQERTGKTSTWSGESKTLVLSNLSYSATKETLEEVFEKATFIKVPQNPHGKPKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKMEIEGR
TIRLELQGSNSRSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFEGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGRGGFGGRGRGGFGGRGGFRGG
RGGGGDFKPQGKKTKFE

MW:76676.770
Digest Matches (Score: 138.79)
Score = 138.790000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_MOUSE

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:41
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads_direkt_BD2_01_1425.d\Beads_direkt_BD2_01_1425.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 58 643.260 643.377 17814850.000 1+ -182.678 17 7 21.400 81 - 87 AAVTPGK
MSMS 247 940.300 940.514 25701318.000 1+ -227.590 64 14 30.000 432 - 439 GIAYIEFK
MSMS 163 500.700 1000.542 38655960.000 2+ -149.534 161 32 26.400 336 - 344 NDLAVVDVR
MSMS 301 825.110 1648.738 47637288.000 2+ 288.290 259 28 32.500 351 - 364 FGYVDFESAEDLEK
MSMS 4311250.800 2501.302 12715822.000 2+ -283.713 183 107 38.400 488 - 509 TLVLSNLSYSATKETLEEVFEK
MSMS 433 834.220 2501.302 24977540.000 3+ -262.626 99 73 38.500 488 - 509 TLVLSNLSYSATKETLEEVFEK
60S ribosomal protein L18 OS=Bos taurus GN=RPL18 PE=2 SV=3 RL18_BOVIN
MGVDIRHNKDRKVRRKEPKSQDIYLRLLVKLYRFLARRTNSTFNQVVLKRLFMSRTNRPPLSLSRMIRKMKLPGREGKTAVVVGTITDDVRVQEVPKLKVCALRVSSRARSRILKAGGKILTFDQLALDSPKGCGTVL
LSGPRKGREVYRHFGKAPGTPHSHTKPYVRSKGRKFERARGRRASRGYKN

MW:21522.020
Digest Matches (Score: 103.85)
Score = 103.850000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = RL18_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 318 730.770 1460.800 38062296.000 2+ -182.758 1061 103 33.300 120 - 132 ILTFDQLALDSPK
MSMS 14 516.490 1547.808 5027469.000 3+ -227.753 133 34 18.100 155 - 168 APGTPHSHTKPYVR
Nucleophosmin OS=Bos taurus GN=NPM1 PE=2 SV=1 NPM_BOVIN
MEDSMDMDMSPLRPQNYLFGCELKADRDYHFKVDNDENEHQLSLRTVSLGAGAKDELHVVEAEAMNYEGSPIKVTLATLKMSVQPTVSLGGFEITPPVVLRLKCGSGPVHISGQHLVAVEEDAESEEEEEEEVKLLSI
SGKRSAPGSGSKVPQKKVKLAADEDEDDDDDDDDDDEDDDDDDFDEEVEEKAPVKKSVRDTPAKNAQKSNQNGKDSKPSTPRSKGQESFKKQEKTPKTPRGPSSVEDIKAKMQASIEKGGSLPKVEAKFINYVKNCF
RMTDQEAIQDLWQWRKSL

MW:32682.870
Digest Matches (Score: 102.65)
Score = 102.653333, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = NPM_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 82 784.640 1568.730 27053394.000 2+ -291.629 137 41 22.500 33 - 45 VDNDENEHQLSLR
MSMS 390 910.160 1819.843 22168550.000 2+ -291.648 579 65 36.500 278 - 291 MTDQEAIQDLWQWR
MSMS 3931113.830 2227.216 19838260.000 2+ -252.808 217 80 36.600 81 - 101 MSVQPTVSLGGFEITPPVVLR
MSMS 403 742.900 2227.216 35233100.000 3+ -238.109 12 12 37.000 81 - 101 MSVQPTVSLGGFEITPPVVLR
40S ribosomal protein S15 OS=Bos taurus GN=RPS15 PE=2 SV=3 RS15_BOVIN
MAEVEQKKKRTFRKFTYRGVDLDQLLDMSYEQLMQLYSARQRRRLNRGLRRKQHSLLKRLRKAKKDAPPMEKPEVVKTHLRDMIILPEMVGSMVGVYNGKTFNQVEIKPEMIGHYLGEFSITYKPVKHGRPGIGATHS
SRFIPLK

MW:17015.160
Digest Matches (Score: 100.57)
Score = 100.570000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = RS15_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 7 666.660 1332.688 2996823.000 2+ -281.773 52 24 16.500 128 - 140 HGRPGIGATHSSR
MSMS 4381026.720 2053.017 24124628.000 2+ -284.568 2065 100 38.800 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK
MSMS 439 685.160 2053.017 18743708.000 3+ 218.707 25 13 38.800 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK
MSMS 492 863.340 2588.237 4568474.000 3+ -89.526 46 26 43.800 19 - 40 GVDLDQLLDMSYEQLMQLYSAR
Histone H2B type 1-B OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BB PE=1 SV=2 H2B1B_HUMAN
MPEPSKSAPAPKKGSKKAITKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:13941.580
Digest Matches (Score: 85.00)
Score = 85.000000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 422 872.170 1743.819 18796694.000 2+ -279.174 1170 85 38.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER
60S ribosomal protein L6 OS=Bos taurus GN=RPL6 PE=2 SV=3 RL6_BOVIN
MAGEKAEKPDTKEKKPEAKKADAGKKAKKVEKVKKVKKGKPHCSRNPVLVRGIGRYSRSAMYSRKALYKRKYSAAKSKVEKKKKVRVLATVTKPVGGDKNGGTRVVKLRKMPRYYPTEDVPRKLLSHGKKPFSKHVRK
LRASITPGTILIILTGRHRGKRVVFLKQLGSGLLLVTGPLSLNRVPLRRTHQKFVIATSTKIDISGVKIPEHLTDTYFKKKKLRKPRHQEGEIFDTEREKYEITEQRKVDQKAVDSQILRRIKAVPQLQGYLRSVFAL
TNGIYPHKVVF

MW:32669.630
Digest Matches (Score: 84.92)
Score = 84.920000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = RL6_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 13 499.680 998.589 6057185.000 2+ -237.249 145 28 18.000 130 - 137 KPFSKHVR
MSMS 458 763.290 1525.931 30073348.000 2+ -235.075 299 84 39.800 141 - 155 ASITPGTILIILTGR
MSMS 461 509.200 1525.931 10819308.000 3+ -226.731 329 33 40.000 141 - 155 ASITPGTILIILTGR
60S ribosomal protein L6 OS=Homo sapiens GN=RPL6 PE=1 SV=3 RL6_HUMAN
MAGEKVEKPDTKEKKPEAKKVDAGGKVKKGNLKAKKPKKGKPHCSRNPVLVRGIGRYSRSAMYSRKAMYKRKYSAAKSKVEKKKKEKVLATVTKPVGGDKNGGTRVVKLRKMPRYYPTEDVPRKLLSHGKKPFSQHVR
KLRASITPGTILIILTGRHRGKRVVFLKQLASGLLLVTGPLVLNRVPLRRTHQKFVIATSTKIDISNVKIPKHLTDAYFKKKKLRKPRHQEGEIFDTEKEKYEITEQRKIDQKAVDSQILPKIKAIPQLQGYLRSVFA
LTNGIYPHKLVF

MW:32707.630
Digest Matches (Score: 84.92)
Score = 84.920000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = RL6_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 13 499.680 998.553 6057185.000 2+ -200.791 145 28 18.000 131 - 138 KPFSQHVR
MSMS 458 763.290 1525.931 30073348.000 2+ -235.075 299 84 39.800 142 - 156 ASITPGTILIILTGR
MSMS 461 509.200 1525.931 10819308.000 3+ -226.731 329 33 40.000 142 - 156 ASITPGTILIILTGR
Hepatoma-derived growth factor OS=Homo sapiens GN=HDGF PE=1 SV=1 HDGF_HUMAN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEAAEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPAKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIRDHESL

MW:26771.870
Digest Matches (Score: 554.06)
Score = 554.058571, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 134 492.130 983.485 115253448.000 2+ -236.013 35 30 25.100 22 - 29 GYPHWPAR
MSMS 118 522.650 1044.521 115820824.000 2+ -218.532 641 65 24.500 158 - 167 AGDLLEDSPK
MSMS 5 544.640 1088.497 28082308.000 2+ -205.944 18 19 16.100 198 - 208 NSTPSEPGSGR
MSMS 56 559.630 1118.540 14857990.000 2+ -256.863 145 43 21.300 30 - 39 IDEMPEAAVK 4: Oxidation (M)
MSMS 94 600.660 1200.622 90817992.000 2+ -257.704 1158 73 23.000 157 - 167 RAGDLLEDSPK
MSMS 111 621.660 1242.620 51525212.000 2+ -247.512 265 52 24.000 20 - 29 MKGYPHWPAR
MSMS 166 692.660 1384.663 247452368.000 2+ -253.191 260 53 26.600 62 - 72 DLFPYEESKEK
MSMS 306 607.140 1819.886 63163552.000 3+ -264.252 68 13 32.800 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 303 910.210 1819.886 172062512.000 2+ -260.252 100 51 32.600 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 215 647.500 1941.000 35232140.000 3+ -265.084 45 14 28.500 181 - 197 EAATLEVERPLPMEVEK

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -2-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:41
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads_direkt_BD2_01_1425.d\Beads_direkt_BD2_01_1425.mgf

MSMS 266 974.230 1947.981 168581744.000 2+ -271.355 9222 100 30.800 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 263 649.830 1947.981 146558192.000 3+ -259.684 105 45 30.600 80 - 96 KGFSEGLWEIENNPTVK
MSMS 335 994.730 1988.991 152280464.000 2+ -270.532 334 110 34.200 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 493 663.490 1988.991 7121166.000 3+ -269.162 71 31 44.000 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 493 663.490 1988.991 7121166.000 3+ -269.162 71 27 44.000 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 436 994.800 1988.991 11402666.000 2+ -200.109 167 79 38.700 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 498 663.540 1988.991 8167357.000 3+ -193.708 41 29 44.700 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 491 995.180 1988.991 5708132.000 2+ 182.188 221 77 43.600 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 463 995.210 1988.991 13684115.000 2+ 212.369 211 91 40.100 45 - 61 YQVFFFGTHETAFLGPK
MSMS 1651014.510 3042.282 48792052.000 3+ -251.958 1047 67 26.400 209 - 235 GPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIR
MSMS 2261018.200 3053.462 142607616.000 3+ -287.119 7 25 29.000 171 - 197 EAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEK

Nucleolin OS=Homo sapiens GN=NCL PE=1 SV=3 NUCL_HUMAN
MVKLAKAGKNQGDPKKMAPPPKEVEEDSEDEEMSEDEEDDSSGEEVVIPQKKGKKAAATSAKKVVVSPTKKVAVATPAKKAAVTPGKKAAATPAKKTVTPAKAVTTPGKKGATPGKALVATPGKKGAAIPAKGAKNGK
NAKKEDSDEEEDDDSEEDEEDDDEDEDEDEDEIEPAAMKAAAAAPASEDEDDEDDDEDDDDDDDEEDDSEEEAMETTPAKGKKAAKVVPVKAKNVAEDEDEEEDDEDEDDDDDDEDDEDDDDEDDEEEEEEEEEPVKEA
PGKRKKEMAKQKAAPEAKKQKVEGTEPTTAFNLFVGNLNFNKSAPELKTGISDVFAKNDLAVVDVRIGMTRKFGYVDFESAEDLEKALELTGLKVFGNEIKLEKPKGKDSKKERDARTLLAKNLPYKVTQDELKEVFE
DAAEIRLVSKDGKSKGIAYIEFKTEADAEKTFEEKQGTEIDGRSISLYYTGEKGQNQDYRGGKNSTWSGESKTLVLSNLSYSATEETLQEVFEKATFIKVPQNQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRA
IRLELQGPRGSPNARSQPSKTLFVKGLSEDTTEETLKESFDGSVRARIVTDRETGSSKGFGFVDFNSEEDAKAAKEAMEDGEIDGNKVTLDWAKPKGEGGFGGRGGGRGGFGGRGGGRGGRGGFGGRGRGGFGGGGF
RGGRGGGGDHKPQGKKTKFE

MW:76568.360
Digest Matches (Score: 187.16)
Score = 187.156667, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = NUCL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 58 643.260 643.377 17814850.000 1+ -182.678 17 7 21.400 81 - 87 AAVTPGK
MSMS 207 469.190 937.499 27211820.000 2+ -134.764 257 29 28.200 325 - 333 TGISDVFAK
MSMS 247 940.300 940.514 25701318.000 1+ -227.590 64 14 30.000 430 - 437 GIAYIEFK
MSMS 163 500.700 1000.542 38655960.000 2+ -149.534 161 32 26.400 334 - 342 NDLAVVDVR
MSMS 57 699.150 1397.643 16888570.000 2+ -250.835 156 59 21.400 438 - 449 TEADAEKTFEEK
MSMS 301 825.110 1648.738 47637288.000 2+ 288.290 259 28 32.500 349 - 362 FGYVDFESAEDLEK
MSMS 421 771.530 2312.156 26041580.000 3+ 181.600 12 12 37.900 298 - 318 VEGTEPTTAFNLFVGNLNFNK
MSMS 4311250.800 2501.266 12715822.000 2+ -269.168 8245 119 38.400 487 - 508 TLVLSNLSYSATEETLQEVFEK
MSMS 433 834.220 2501.266 24977540.000 3+ -248.081 98 70 38.500 487 - 508 TLVLSNLSYSATEETLQEVFEK

Tubulin alpha-1B chain OS=Homo sapiens GN=TUBA1B PE=1 SV=1 TBA1B_HUMAN
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLISQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRSIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50119.600
Digest Matches (Score: 157.08)
Score = 157.080000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 424 744.260 1487.879 37941720.000 2+ -246.440 193 124 38.100 230 - 243 LISQIVSSITASLR
MSMS 339 851.220 1701.906 32993242.000 2+ -278.127 1061 62 34.400 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR
MSMS 252 912.750 1824.985 34460144.000 2+ -270.133 39 22 30.200 353 - 370 VGINYQPPTVVPGGDLAK

Nucleophosmin OS=Homo sapiens GN=NPM1 PE=1 SV=2 NPM_HUMAN
MEDSMDMDMSPLRPQNYLFGCELKADKDYHFKVDNDENEHQLSLRTVSLGAGAKDELHIVEAEAMNYEGSPIKVTLATLKMSVQPTVSLGGFEITPPVVLRLKCGSGPVHISGQHLVAVEEDAESEDEEEEDVKLLSI
SGKRSAPGGGSKVPQKKVKLAADEDDDDDDDEEDDDEDDDDDDFDDEEAEEKAPVKKSIRDTPAKNAQKSNQNGKDSKPSSTPRSKGQESFKKQEKTPKTPKGPSSVEDIKAKMQASIEKGGSLPKVEAKFINYVKNCF
RMTDQEAIQDLWQWRKSL

MW:32554.840
Digest Matches (Score: 121.99)
Score = 121.986667, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = NPM_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 82 784.640 1568.730 27053394.000 2+ -291.629 137 41 22.500 33 - 45 VDNDENEHQLSLR
MSMS 390 910.160 1819.843 22168550.000 2+ -291.648 579 65 36.500 278 - 291 MTDQEAIQDLWQWR
MSMS 3931113.830 2227.216 19838260.000 2+ -252.808 217 80 36.600 81 - 101 MSVQPTVSLGGFEITPPVVLR
MSMS 403 742.900 2227.216 35233100.000 3+ -238.109 12 12 37.000 81 - 101 MSVQPTVSLGGFEITPPVVLR

60S ribosomal protein L18 OS=Homo sapiens GN=RPL18 PE=1 SV=2 RL18_HUMAN
MGVDIRHNKDRKVRRKEPKSQDIYLRLLVKLYRFLARRTNSTFNQVVLKRLFMSRTNRPPLSLSRMIRKMKLPGRENKTAVVVGTITDDVRVQEVPKLKVCALRVTSRARSRILRAGGKILTFDQLALDSPKGCGTVL
LSGPRKGREVYRHFGKAPGTPHSHTKPYVRSKGRKFERARGRRASRGYKN

MW:21621.070
Digest Matches (Score: 106.95)
Score = 106.950000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = RL18_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 318 730.770 1460.800 38062296.000 2+ -182.758 1061 103 33.300 120 - 132 ILTFDQLALDSPK
MSMS 14 516.490 1547.808 5027469.000 3+ -227.753 133 34 18.100 155 - 168 APGTPHSHTKPYVR

40S ribosomal protein S15 OS=Homo sapiens GN=RPS15 PE=1 SV=2 RS15_HUMAN
MAEVEQKKKRTFRKFTYRGVDLDQLLDMSYEQLMQLYSARQRRRLNRGLRRKQHSLLKRLRKAKKEAPPMEKPEVVKTHLRDMIILPEMVGSMVGVYNGKTFNQVEIKPEMIGHYLGEFSITYKPVKHGRPGIGATHS
SRFIPLK

MW:17029.170
Digest Matches (Score: 100.57)
Score = 100.570000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = RS15_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 7 666.660 1332.688 2996823.000 2+ -281.773 52 24 16.500 128 - 140 HGRPGIGATHSSR
MSMS 4381026.720 2053.017 24124628.000 2+ -284.568 2065 100 38.800 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK
MSMS 439 685.160 2053.017 18743708.000 3+ 218.707 25 13 38.800 82 - 100 DMIILPEMVGSMVGVYNGK
MSMS 492 863.340 2588.237 4568474.000 3+ -89.526 46 26 43.800 19 - 40 GVDLDQLLDMSYEQLMQLYSAR

Actin, cytoplasmic 1 OS=Homo sapiens GN=ACTB PE=1 SV=1 ACTB_HUMAN
MDDDIAALVVDNGSGMCKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHQGVMVGMGQKDSYVGDEAQSKRGILTLKYPIEHGIVTNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREKMTQIMFETFNTPAMYVAIQA
VLSLYASGRTTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILRLDLAGRDLTDYLMKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLCYVALDFEQEMATAASSSSLEKSYELPDGQVITIGNERFRCPEALFQPSFLGMESCGIHE
TTFNSIMKCDVDIRKDLYANTVLSGGTTMYPGIADRMQKEITALAPSTMKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKQEYDESGPSIVHRKCF

MW:41709.730
Digest Matches (Score: 90.67)
Score = 90.670000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = ACTB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 32 462.180 923.567 4841700.000 2+ -232.526 28 37 19.900 329 - 336 IIAPPERK
MSMS 60 976.280 976.448 8355136.000 1+ -172.523 32 19 21.500 19 - 28 AGFAGDDAPR
MSMS 161 581.230 1161.618 42430480.000 2+ -142.714 65 29 26.300 316 - 326 EITALAPSTMK
MSMS 189 599.680 1198.706 27806530.000 2+ -294.547 76 31 27.500 29 - 39 AVFPSIVGRPR
MSMS 292 896.030 1790.892 26685374.000 2+ 89.849 103 60 32.000 239 - 254 SYELPDGQVITIGNER

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:41
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads_direkt_BD2_01_1425.d\Beads_direkt_BD2_01_1425.mgf

MSMS 3091061.890 3183.614 30630864.000 3+ 12.919 27 52 32.900 148 - 177 TTGIVMDSGDGVTHTVPIYEGYALPHAILR

60S ribosomal protein L6 OS=Homo sapiens GN=RPL6 PE=1 SV=3 RL6_HUMAN

MAGEKVEKPDTKEKKPEAKKVDAGGKVKKGNLKAKKPKKGKPHCSRNPVLVRGIGRYSRSAMYSRKAMYKRKYSAAKSKVEKKKKEKVLATVTKPVGGDKNGGTRVVKLRKMPRYYPTEDVPRKLLSHGKKPFSQHVR
KLRASITPGTILIILTGRHRGKRVVFLKQLASGLLLVTGPLVLNRVPLRRTHQKFVIATSTKIDISNVKIPKHLTDAYFKKKKLRKPRHQEGEIFDTEKEKYEITEQRKIDQKAVDSQILPKIKAIPQLQGYLRSVFA
LTNGIYPHKLVF

MW:32707.630
Digest Matches (Score: 88.86)
Score = 88.860000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = RL6_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 13 499.680 998.553 6057185.000 2+ -200.791 145 28 18.000 131 - 138 KPFSQHVR
MSMS 458 763.290 1525.931 30073348.000 2+ -235.075 299 84 39.800 142 - 156 ASITPGTILIILTGR
MSMS 461 509.200 1525.931 10819308.000 3+ -226.731 329 33 40.000 142 - 156 ASITPGTILIILTGR

Histone H2B type 1-B OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BB PE=1 SV=2 H2B1B_HUMAN

MPEPSKSAPAPKKGSKKAITKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:13941.580
Digest Matches (Score: 85.00)
Score = 85.000000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 422 872.170 1743.819 18796694.000 2+ -279.174 1170 85 38.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER

Beta-actin-like protein 2 OS=Homo sapiens GN=ACTBL2 PE=1 SV=2 ACTBL_HUMAN

MTDNELSALVVDNGSGMCKAGFGGDDAPRAVFPSMIGRPRHQGVMVGMGQKDCYVGDEAQSKRGVLTLKYPIEHGVVTNWDDMEKIWYHTFYNELRVAPDEHPILLTEAPLNPKINREKMTQIMFEAFNTPAMYVAIQ
AVLSLYASGRTTGIVMDSGDGVTHIVPIYEGYALPHAILRLDLAGRDLTDYLMKILTERGYNFTTTAEREIVRDVKEKLCYVALDFEQEMVRAAASSSPERSYELPDGQVITIGNERFRCPEAIFQPSFLGIESSGIH
ETTFNSIMKCDVDIRKDLYANTVLSGGSTMYPGIADRMQKEIITLAPSTMKIKIIAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWISKQEYDEAGPPIVHRKCF

MW:41975.970
Digest Matches (Score: 66.92)
Score = 66.920000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = ACTBL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 32 462.180 923.567 4841700.000 2+ -232.526 28 37 19.900 330 - 337 IIAPPERK
MSMS 292 896.030 1790.892 26685374.000 2+ 89.849 103 60 32.000 240 - 255 SYELPDGQVITIGNER
MSMS 350 933.020 2796.256 35677568.000 3+ 282.301 7 7 34.800 2 - 29 TDNELSALVVDNGSGMCKAGFGGDDAPR

Fibrillin-2 OS=Homo sapiens GN=FBN2 PE=1 SV=3 FBN2_HUMAN

MGRRRRLCLQLYFLWLGCVVLWAQGTAGQPQPPPPKPPRPQPPPQQVRSATAGSEGGFLAPEYREEGAAVASRVRRRGQQDVLRGPNVCGSRFHSYCCPGWKTLPGGNQCIVPICRNSCGDGFCSRPNMCTCSSGQIS
STCGSKSIQQCSVRCMNGGTCADDHCQCQKGYIGTYCGQPVCENGCQNGGRCIGPNRCACVYGFTGPQCERDYRTGPCFTQVNNQMCQGQLTGIVCTKTLCCATIGRAWGHPCEMCPAQPQPCRRGFIPNIRTGACQD
VDECQAIPGICQGGNCINTVGSFECRCPAGHKQSETTQKCEDIDECSIIPGICETGECSNTVGSYFCVCPRGYVTSTDGSRCIDQRTGMCFSGLVNGRCAQELPGRMTKMQCCCEPGRCWGIGTIPEACPVRGSEEYR
RLCMDGLPMGGIPGSAGSRPGGTGGNGFAPSGNGNGYGPGGTGFIPIPGGNGFSPGVGGAGVGAGGQGPIITGLTILNQTIDICKHHANLCLNGRCIPTVSSYRCECNMGYKQDANGDCIDVDECTSNPCTNGDCVNT
PGSYYCKCHAGFQRTPTKQACIDIDECIQNGVLCKNGRCVNTDGSFQCICNAGFELTTDGKNCVDHDECTTTNMCLNGMCINEDGSFKCICKPGFVLAPNGRYCTDVDECQTPGICMNGHCINSEGSFRCDCPPGLAV
GMDGRVCVDTHMRSTCYGGIKKGVCVRPFPGAVTKSECCCANPDYGFGEPCQPCPAKNSAEFHGLCSSGVGITVDGRDINECALDPDICANGICENLRGSYRCNCNSGYEPDASGRNCIDIDECLVNRLLCDNGLCRN
TPGSYSCTCPPGYVFRTETETCEDINECESNPCVNGACRNNLGSFNCECSPGSKLSSTGLICIDSLKGTCWLNIQDSRCEVNINGATLKSECCATLGAAWGSPCERCELDTACPRGLARIKGVTCEDVNECEVFPGVC
PNGRCVNSKGSFHCECPEGLTLDGTGRVCLDIRMEQCYLKWDEDECIHPVPGKFRMDACCCAVGAAWGTECEECPKPGTKEYETLCPRGAGFANRGDVLTGRPFYKDINECKAFPGMCTYGKCRNTIGSFKCRCNSGF
ALDMEERNCTDIDECRISPDLCGSGICVNTPGSFECECFEGYESGFMMMKNCMDIDECERNPLLCRGGTCVNTEGSFQCDCPLGHELSPSREDCVDINECSLSDNLCRNGKCVNMIGTYQCSCNPGYQATPDRQGCTD
IDECMIMNGGCDTQCTNSEGSYECSCSEGYALMPDGRSCADIDECENNPDICDGGQCTNIPGEYRCLCYDGFMASMDMKTCIDVNECDLNSNICMFGECENTKGSFICHCQLGYSVVKKGTTGCTDVDECEIGAHNCDM
HASCLNIPGSFKCSCREGWIGNGIKCIDLDECSNGTHQCSINAQCVNTPGSYRCACSEGFTGDGFTCSDVDECAENINLCENGQCLNVPGAYRCECEMGFTPASDSRSCQDIDECSFQNICVFGTCNNLPGMFHCICD
DGYELDRTGGNCTDIDECADPINCVNGLCVNTPGRYECNCPPDFQLNPTGVGCVDNRVGNCYLKFGPRGDGSLSCNTEIGVGVSRSSCCCSLGKAWGNPCETCPPVNSTEYYTLCPGGEGFRPNPITILEDIDECQE
LPGLCQGGNCINTPGSFQCECPQGYYLSEDTRICEDIDECFAHPGVCGPGTCYNTLGNYTCICPPEYMQVNGGHNCMDMRKSFCYRSYNGTTCENELPFNVTKRMCCCTYNVGKAWNKPCEPCPTPGTADFKTICGNI
PGFTFDIHTGKAVDIDECKEIPGICANGVCINQIGSFRCECPTGFSYNDLLLVCEDIDECSNGDNLCQRNADCINSPGSYRCECAAGFKLSPNGACVDRNECLEIPNVCSHGLCVDLQGSYQCICHNGFKASQDQTMC
MDVDECERHPCGNGTCKNTVGSYNCLCYPGFELTHNNDCLDIDECSSFFGQVCRNGRCFNEIGSFKCLCNEGYELTPDGKNCIDTNECVALPGSCSPGTCQNLEGSFRCICPPGYEVKSENCIDINECDEDPNICLFG
SCTNTPGGFQCLCPPGFVLSDNGRRCFDTRQSFCFTNFENGKCSVPKAFNTTKAKCCCSKMPGEGWGDPCELCPKDDEVAFQDLCPYGHGTVPSLHDTREDVNECLESPGICSNGQCINTDGSFRCECPMGYNLDYTG
VRCVDTDECSIGNPCGNGTCTNVIGSFECNCNEGFEPGPMMNCEDINECAQNPLLCAFRCMNTFGSYECTCPIGYALREDQKMCKDLDECAEGLHDCESRGMMCKNLIGTFMCICPPGMARRPDGEGCVDENECRTKP
GICENGRCVNIIGSYRCECNEGFQSSSSGTECLDNRQGLCFAEVLQTICQMASSSRNLVTKSECCCDGGRGWGHQCELCPLPGTAQYKKICPHGPGYTTDGRDIDECKVMPNLCTNGQCINTMGSFRCFCKVGYTTDI
SGTSCIDLDECSQSPKPCNYICKNTEGSYQCSCPRGYVLQEDGKTCKDLDECQTKQHNCQFLCVNTLGGFTCKCPPGFTQHHTACIDNNECGSQPSLCGAKGICQNTPGSFSCECQRGFSLDATGLNCEDVDECDGNH
RCQHGCQNILGGYRCGCPQGYIQHYQWNQCVDENECSNPNACGSASCYNTLGSYKCACPSGFSFDQFSSACHDVNECSSSKNPCNYGCSNTEGGYLCGCPPGYYRVGQGHCVSGMGFNKGQYLSLDTEVDEENALSPE
ACYECKINGYSKKDSRQKRSIHEPDPTAVEQISLESVDMDSPVNMKFNLSHLGSKEHILELRPAIQPLNNHIRYVISQGNDDSVFRIHQRNGLSYLHTAKKKLMPGTYTLEITSIPLYKKKELKKLEESNEDDYLLGE
LGEALRMRLQIQLY

MW:314557.830
Digest Matches (Score: 51.41)
Score = 51.410000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = FBN2_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 233 718.210 718.392 28455846.000 1+ -253.161 76 51 29.400 994 - 999 VCLDIR
MSMS 399 738.090 1474.766 18891770.000 2+ 276.161 3 6 36.900 641 - 654 CICKPGFVLAPNGR
MSMS 250 742.680 1484.629 21863194.000 2+ -186.245 22 5 30.100 2403 - 2416 NLVTKSECCCDGGR
MSMS 482 744.820 2231.966 14014918.000 3+ 214.701 3 6 41.900 2455 - 2473 VMPNLCTNGQCINTMGSFR 2: Oxidation (M) 6: Carbamidomethyl (C) 11: Carbamidomethyl (C) 15: Oxid
ation (M)
MSMS 121 858.640 2573.985 40658072.000 3+ -30.805 5 10 24.700 845 - 867 TETETCEDINECESNPCVNGACR 17: Carbamidomethyl (C)

Histone H1.2 OS=Homo sapiens GN=HIST1H1C PE=1 SV=2 H12_HUMAN

MSETAPAAPAAAPPAEKAPVKKKAAKKAGGTPRKASGPPVSELITKAVAASKERSGVSLAALKKALAAAGYDVEKNNSRIKLGLKSLVSKGTLVQTKGTGASGSFKLNKKAASGEAKPKVKKAGGTKPKKPVGAAKKP
KKAAGGATPKKSAKKTPKKAKKPAAATVTKKVAKSPKKAKVAKPKKAAKSAAKAVKPKAAKPKVVKPKKAAPKKK

MW:21351.750
Digest Matches (Score: 50.51)
Score = 50.510000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = H12_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 177 423.210 845.509 25214424.000 2+ -114.094 139 24 27.000 55 - 63 SGVSLAALK
MSMS 142 663.700 1326.763 48742176.000 2+ -279.085 153 50 25.500 34 - 46 KASGPPVSELITK

60S ribosomal protein L27 OS=Homo sapiens GN=RPL27 PE=1 SV=2 RL27_HUMAN

MGKFMKPGKVVLVLAGRYSGRKAVIVKNIDDGTSDRPYSHALVAGIDRYPRKVTAAMGKKKIAKRSKIKSFVKVYNYNHLMPTRYSVDIPLDKTVVNKDVFRDPALKRKARREAKVKFEERYKTGKNKWFFQKLRF

MW:15787.750
Digest Matches (Score: 50.48)
Score = 50.480000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = RL27_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 156 704.170 1407.684 33200910.000 2+ -249.549 267 50 26.100 74 - 84 VYNYNHLMPTR

60S ribosomal protein L4 OS=Homo sapiens GN=RPL4 PE=1 SV=5 RL4_HUMAN

MACARPLISVYSEKGESSGKNVTLPAVFKAPIRPDIVNFVHTNLRKNNRQPYAVSELAGHQTSAESWGTGRAVARIPRVRGGGTHRSGQGAFGNMCRGGRMFAPTKTWRRWHRRVNTTQKRYAICSALAASALPALVM
SKGHRIEEVPELPLVVEDKVEGYKKTKEAVLLLKKLKAWNDIKKVYASQRMRAGKGKMRNRRRIQRRGPCIIYNEDNGIIKAFRNIPGITLLNVSKLNILKLAPGGHVGRFCIWTESAFRKLDELYGTWRKAASLKSN
YNLPMHKMINTDLSRILKSPEIQRALRAPRKKIHRRVLKKNPLKNLRIMLKLNPYAKTMRRNTILRQARNHKLRVDKAAAAAAALQAKSDEKAAVAGKKPVVGKKGKKAAVGVKKQKKPLVGKKAAATKKPAPEKKPA
EKKPTTEEKKPAA

MW:47667.430
Digest Matches (Score: 48.09)
Score = 48.090000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = RL4_HUMAN

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:41
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081008\Beads_direkt_BD2_01_1425.d\Beads_direkt_BD2_01_1425.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 11 432.140 863.485 3052608.000 2+ -245.679 131 48 17.800 240 - 248 LAPGGHVGR
Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2 H2A1B_HUMAN
MSGRGKQGGKARAKAKTRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYSERVGAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVTIAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK

MW:14126.950
Digest Matches (Score: 48.06)
Score = 48.060000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = H2A1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 379 965.880 1931.169 43299908.000 2+ -215.568 46 48 36.000 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
Tubulin beta-2C chain OS=Homo sapiens GN=TUBB2C PE=1 SV=1 TBB2C_HUMAN
MREIVHLQAGQCGNQIGAKFWEVISDEHGIDPTGTYHGDSDLQLERINVYYNEATGGKYVPRAVLVDLEPGTMDSVRSGPFGQIFRPDNFVFGQSGAGNNWAKGHYTEGAELVDSVLDVVRKEAESCDCLQGFQLTHS
LGGGTGSGMGTLLISKIREEYPDRIMNTFSVVPSPKVSDTVVEPYNATLSVHQLVENTDETYCIDNEALYDICFRTLKLTTPTYGDLNHLVSATMSGVTTCLRFPGQLNADLRKLAVNMVPFPRLHFFMPGFAPLTSR
GSQQYRALTVPELTQQMFDAKNMMAACDPRHGRYLTVAAVFRGRMSMKEVDEQMLNVQNKNSSYFVEWIPNNVKTAVCDIPPRGLKMSATFIGNSTAIQELFKRISEQFTAMFRRKAFLHWYTGEGMDEMEFTEAESN
MNDLVSEYQQYQDATAEEEGEFEEEAEEEVA

MW:49799.000
Digest Matches (Score: 47.45)
Score = 47.450000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = TBB2C_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 235 660.210 1319.703 28068106.000 2+ -219.962 133 47 29.500 163 - 174 IMNTFSVVPSPK
40S ribosomal protein S7 OS=Homo sapiens GN=RPS7 PE=1 SV=1 RS7_HUMAN
MFSSSAKIVKPNGEKPDEFESGISQALLELEMNSDLKAQLRELNITAAKEIEVGGGRKAIIIFVPVPQLKSFQKIQVRLVRELEKKFSGKHVVFIAQRRILPKPTRKSRTKNKQKRPRSRTLTAVHDAILEDLVFPSE
IVGKRIRVKLDGSRLIKVHLDKAQQNNVEHKVETFSGVYKKLTGKDVNFEFPEFQL

MW:22113.260
Digest Matches (Score: 44.70)
Score = 44.700000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = RS7_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 468 692.640 1384.642 21787928.000 2+ -266.863 133 24 40.500 184 - 194 DVNFEFPEFQL
MSMS 405 789.560 2367.281 26634846.000 3+ -259.970 29 44 37.100 121 - 142 TLTAVHDAILEDLVFPSEIVGK
40S ribosomal protein S17-like OS=Homo sapiens GN=RPS17L PE=3 SV=1 RS17L_HUMAN
MGRVRTKTVKKAARVIIEKYYTRLGNDFHTNKRVCEEIAIIPSKKLRNKIAGYVTHLMKRIQRGFVRGISIKLQEEERERRDNYVPEVSALDQEIIEVDPDTKEMLKLLDFGSLSNLQVTQPTVGMNFKTPRGPV

MW:15540.390
Digest Matches (Score: 43.49)
Score = 43.490000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = RS17L_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 22 601.160 1201.607 4982411.000 2+ -245.304 139 43 18.700 24 - 33 LGNDFHTNKR
ATAXIN-2-LIKE PROTEIN OS=HOMO SAPIENS GN=ATXN2L PE=1 SV=2 ATX2L_HUMAN
MLKPQPLQQPSQPQQPPPTQQAVARRPPGGTSPPNGGLPGPLATSAAPPGPPAAASPCLGPVAAAGSGLRRGAEGILAPQPPPPQQHQERPGAAAIGSARGQSTGKGPPQSPVFEGVYNNSRMLHFLTAVVGSTCDVK
VKNGTTYEGIFKTLSSKFELAVDAVHRKASEPAGGPRREDIVDTMVFKPSDVMLVHFRNVDFNYATKDKFTDSAIAMNSKVNGEHKEKVLQRWEGGDSNSDDYDLESDMSNGWDPNEMFKFNEENYGVKTTYDSSLSS
YTVPLEKDNSEEFRQRELRAAQLAREIESSPQYRLRIAMENDDGRTEEEKHSAVQRQSGSRESPSLASREGKYIPLPQRVREGPRGGVRCSSSRGGRPGLSSLPPRGPHHLDNSSPGPGSEARGINGGPSRMSPKAQR
PLRGAKTLSSPSNRPSGETSVPPPPAVGRMYPPRSPKSAAPAPISASCPEPPIGSAVPTSSASIPVTSSVSDPGVGSISPASPKISLAPTDVKELSTKEPGRTLEPQELARIAGKVPGLQNEQKRFQLEELRKFGAQF
KLQPSSSPENSLDPFPPRILKEEPKGEKEKEVDGLLTSEPMGSPVSSKTESVSDKEDKPPLAPSGGTEGPEQPPPPCPSQTGSPPVGLIKGEDKDEGPVAEQVKKSTLNPNAKEFNPTKPLLSVNKSTSTPTSPGPRTH
STPSIPVLTAGQSGLYSPQYISYIPQIHMGPAVQAPQMYPYPVSNSVPGQQGKYRGAKGSLPPQRSDQHQPASAPPMMQAAAAAGPPLVAATPYSSYIPYNPQQFPGQPAMMQPMAHYPSQPVFAPMLQSNPRMLTSG
SHPQAIVSSSTPQYPSAEQPTPQALYATVHQSYPHHATQLHAHQPQPATTPTGSQPQSQHAAPSPVQHQAGQAPHLGSGQPQQNLYHPGALTGTPPSLPPGPSAQSPQSSFPQPAAVYAIHHQQLPHGFTNMAHVTQA
HVQTGITAAPPPHPGAPHPPQVMLLHPPQSHGGPPQGAVPQSGVPALSASTPSPYPYIGHPQGEQPGQAPGFPGGADDRIREFSLAGGIWHGRAEGLQVGQDARVLGGE

Digest Matches (Score: 41.50)
Score = 41.500000, Rank = 19, Database = SwissProt, Accesskey = ATX2L_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1 423.610 846.432 24869560.000 2+ -258.832 16 17 15.000 338 - 345 ESPSLASR
MSMS 94 600.660 1200.615 90817992.000 2+ -252.274 524 41 23.000 400 - 411 GINGGPSRMSPK
MSMS 265 674.460 2021.056 27886702.000 3+ 153.258 13 14 30.800 123 - 140 MLHFLTAVVGSTCDVKVK 1: Oxidation (M) 13: Carbamidomethyl (C)
40S ribosomal protein S19 OS=Homo sapiens GN=RPS19 PE=1 SV=2 RS19_HUMAN
MPGVTVKDVNQQEFVRALAAFLKKSGKLKVPEWVDTVKLAKHKELAPYDENWFYTRAASTARHLYLRGGAGVGSMTKIYGGRQRNGVMPSHFSRGSKSVARRVLQALEGLKMVEKDQDGGRKLTPQGQRDLDRIAGQV
AAANKKH

MW:16050.530
Digest Matches (Score: 41.45)
Score = 41.450000, Rank = 20, Database = SwissProt, Accesskey = RS19_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 12 471.730 942.537 4676015.000 2+ -89.170 58 41 17.800 134 - 143 IAGQVAAANK
MSMS 196 563.740 1126.694 38010108.000 2+ -196.785 35 19 27.700 102 - 111 RVLQALEGLK

Abbildung 8-7: Mascot-Report HDGF Strep-tag Eluat 3.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:38
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081020\32Trypsin_BE1_01_1560.d\32Trypsin_BE1_01_1560.mgf

Sequence Name:		Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008
MH+ (mono):	1.008				

Sequence data:

Intensity Coverage:	0.0 % (0 cnts)	Sequence Coverage MS:	0.0%
Sequence Coverage MS/MS:	0.0%	pI (isoelectric point):	0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U OS=Homo sapiens GN=HNRNPU PE=1 SV=6 HNRPU_HUMAN
MSSSPVNVKKLKVSELKEELKKRRLSDKGLKAELMERLQAALDDEEAGGRPAMEPGNGSLDLGGDSAGRSGAGLEQEAAAGGDEEEEEEEEEEGISALDGDQMELGEENGAAGAADSGPMEEEEAASEDENGDDQGF
QEGEDELGDEEEGAGDENGHGEQQPQPPATQQQQPQQQRGAAKEAAGKSSGPTSLFAVTVAPPGARQGQQQAGGKKKAEGGGGGGRPGAPAAGDGKTEQKGGDKKRGVKRPREDHGRGYFEYIEENKYSRAKSPQPPV
EEEDEHFDDTVVCLDTYNCDLHFKISRDRLSASSLTMESFAFLWAGGRASYGVSKGKVCFEMKVTEKIPVRHLYTKDIDIHEVRIGWSLTTSGMLLGEEEFSYGYSLKGIKTCNCETEDYGEKFDENDVITCFANFES
DEVELSYAKNGQDLGVAFKISKEVLAGRPLFPHVLCHNCAVEFNFGQKEKPYPIPEEYTFIQNVPLEDRVRGPKGPEEKKDCEVVMMIGLPGAGKTTWVTKHAAENPGKYNILGTNTIMDKMMVAGFKKQMADTGKL
NTLLQRAPQCLGKFIEIAARKKRNFILDQTNVSAAAQRRKMCLFAGFQRKAVVVCPKDEDYKQRTQKKAEVEGKDLPEHAVLKMKGNFTLPEVAECFDEITYVELQKEEAQKLLEQYKEESKKALPPEKKQNTGSKKS
NKNKSGKNQFNRGGGHRGRGGFNMRGGNFRGGAPGNRGGYNRRGNMPQRGGGGGGSGGIGYPYPRAPVFPGRGSYSNRGNYNRGGMPNRGNYNQNFRGRGNNRGYKNQSQGYNQWQQQPWGQKPWSQHYHQGYY

MW:90528.000
Digest Matches (Score: 79.27)
Score = 79.270000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HNRPU_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1991042.730 3126.439 1978192.000 3+ -84.401 23 79 31.100 38 - 69 LQAALDDEEAGGRPAMEPGNGSLDLGGDSAGR

Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 K1C9_HUMAN
MSCRQFSSSYLSRSGGGGGGGLGSGGSIRSSYSRFSSSGGGGGGGRFSSSSGYGGGSSRVCGRGGGGSFGYSYGGGSGGGFSASSLGGGFGGGSRGFGGASGGGYSSSGGFGGGFGGGSGGGFGGGYGSGFGGFGGFG
GGAGGGDGGILTANEKSTMQELNSRLASYLDKVQALEEANNDLENKIQDWYDKKGPAAIQKNYSPYYNTIDDLKDQIVDLTVGNNKTLLDIDNTRMTLDDFRIKFEMEQNLRQGVDADINGLRQVLDNLTMEKSDLEM
QYETLQEELMALKKNHKEEMSQLTGQNSGDVNVEINVAPGKDLTKTLNDMRQEYEQLIAKNRKDIENQYETQITQIEHEVSSSGQEVQSSAKEVTQLRHGVQELEIELQSQLSKKAALEKSLEDTKNRYCGQLQMIQE
QISNLEAQITDVRQEIECQNQEYSLLLSIKMRLEKEIETYHNLLEGGQEDFESSGAGKIGLGGRGGSGGSYGRGSRGGSGGSYGGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSYGGGGSGGGGSGGGYGGGSGGGHSGGSGGGHSG
GSGGNYGGGSGSGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSHGGGSGFGGESGGSYGGGEEASGSGGGYGGGSGKSSHS

MW:62026.810
Digest Matches (Score: 71.73)
Score = 71.730000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = K1C9_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 14 896.140 1791.728 535822.000 2+ -254.111 16385 71 21.800 491 - 513 GGSGGGSYGGGGSGGGYGGGSGGR
MSMS 235 837.450 2510.132 2031261.000 3+ 81.186 14 11 32.800 450 - 472 EIETYHNLLEGGQEDFESSGAGK

60S acidic ribosomal protein P2 OS=Bos taurus GN=RPLP2 PE=3 SV=1 RLA2_BOVIN
MRYVASYLLAALGGNSSPSAKDIKKILDSVGIEADDDRLNKVISELHGKNIEDVIAQGIGKLASVPAGGAVAVSAAPGSAAPAAGSAPAAAEEKKEEKKEESEESDDDMGFGLFD

MW:11694.880
Digest Matches (Score: 69.29)
Score = 69.290000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = RLA2_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 154 925.220 2774.432 2396936.000 3+ -283.555 29 69 29.100 62 - 94 LASVPAGGAVAVSAAPGSAAPAAGSAPAAAEEK

40S ribosomal protein S10 OS=Bos taurus GN=RPS10 PE=2 SV=1 RS10_BOVIN
MLMPKKNRIAIYELLFKEGVMVAKKDVHMPKHPELADKNVPNLHVMKAMQSLKSRGYVKEQFAWRHFYWYLTNEGIQYLRDYLHLPPEIVPATLRRSRPETGRPRPKGLEGERPARLTRGEADRDTYRRSAVPPGADK
KAEAGAGSATEFQFRGGFGRGRGQPPQ

MW:18885.870
Digest Matches (Score: 62.35)
Score = 62.350000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = RS10_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 400 555.200 1109.660 3063306.000 2+ -241.509 270 62 40.300 9 - 17 IAIYELLFK

Hepatoma-derived growth factor OS=Bos taurus GN=HDGF PE=2 SV=1 HDGF_BOVIN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEATEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPTKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAEDLEGEEKEGATLEGERPLPVEAEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEEEEEAAKEDAEAPGLRDHESL

MW:26587.800
Digest Matches (Score: 55.61)
Score = 55.610000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 202 564.110 1127.526 3735639.000 2+ -277.657 262 22 31.200 62 - 70 DLFPYEESK
MSMS 303 910.190 1819.886 13312491.000 2+ -282.244 53 55 35.900 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK

Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MCCC2 PE=1 SV=1 MCCB_HUMAN
MWAVLRLALRPCARASPAGPRAYHGDSVASLGTQPDLGSALYQENYKQMKALVNQLHERVEHIKLGGGEKARALHISRGKLLPRERIDNLIDPGSPFLELSQFAGYQLYDNEEVPGGGIITGIGRVSGVECMIIANDA
TVKGGAYYPVTVKKQLRAQEIAMQNRLPCIYLVDSGGAYLPRQADVFPDRDHFGRTFYNQAIMSSKNIAQIAVVMGSCTAGGAYVPAMADENIIVRKQGTIFLAGPPLVKAATGEEVSAEDLGGADLHCRKSGVSDHW
ALDDHHALHLTRKVVRNLNYQKKLDVTIEPSEEPLFPADELYGIVGANLKRSFDVREVIARIVDGSRFTEFKAFYGDTLVTGFARIFGYPVGIVGNNGVLFSESAKKGTHFVQLCCQRNIPLLFLQNITGFMVGREYE
AEGIAKDGAKMVAAVACAQVPKITLIIGGSYGAGNYGMCGRAYSPRFLYIWPNARISVMGGEQAANVLATITKDQRAREGKQFSSADEAALKEPIIKKFEEEGNPYYSSARVWDDGIIDPADTRLVLGLSFSAALNAP
IEKTDFGIFRM

MW:61294.410
Digest Matches (Score: 50.02)
Score = 50.020000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = MCCB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 493 967.070 1933.073 961879.000 2+ 31.017 260 50 44.700 395 - 411 NIPLLFLQNITGFMVGR

Propionyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Sus scrofa GN=PCCB PE=2 SV=1 PCCB_PIG
MAAAVRVTAARARLRVVVRSLHAGVRSLCTQPVSVNERIENKRQAALLGGGQRRIDSQHKRGKLTARERISLLLDPGSFIESDMFVEHRCADFGMAADKNKFPGDSVVTGRGRINGRLVYVFSQDFTVFGGSLSGAHA
QKICKIMDQAMTVGAPVIGLNDSGGARIQEGVESLAGYADIFLRNVSASGVIPQISLIMGPCAGGAVYSPALTDFTFMVKDTSYLFITGPDVVKSVTNEDVTQEELGGARTHTTMSGVAHRAFDNDVDALCNLREFFN
YLPLSNQDPAPIRECHDPSDRLVPELDTVVPLESTRAYDMVDIIYSIVDERDFFEIMPNYAKNIIVGFARMNGRTVGIVGNQPKVASGCLDINSSVKGARFVRFCDAFNIPLITFVDVPGFLPGTAQEYGGIIRHGAK
LLYAFAEATVPKITVITRKAYGGAYDVMSSKHLCGDTNYAWPTAEIAVMGAKGAVEIIFKGHENVEAAQAEYIEKFANPFPAAVRGFVDDIIQPSSTRARICCDLDVLASKKVQRPWRKHANIPL

BruKER BioTools Version 3.1 Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH Page -1-

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:38
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081020\32Trypsin_BE1_01_1560.d\32Trypsin_BE1_01_1560.mgf

MW:58552.880
Digest Matches (Score: 49.83)
Score = 49.830000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = PCCB_PIG
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 91 844.610 1687.792 857819.000 2+ 249.330 4129 49 26.100 475 - 489 GHENVEAAQAEYIEK
MSMS 4401103.160 2205.064 1024806.000 2+ 112.921 19 23 42.400 144 - 165 IMDQAMTVGAPVIGLNDSGGAR 2: Oxidation (M) 6: Oxidation (M)
MSMS 315 755.310 2264.047 6062823.000 3+ -58.324 5 15 36.400 446 - 466 HLCGDTNYAWPTAEIAVMGAK 18: Oxidation (M)
Propionyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Bos taurus GN=PCCB PE=2 SV=1 PCCB_BOVIN
MAAAMRVAVAGARLSVVLRSLRGAGRSLCTQPVSVNERIENKRQAALLGGGQRRIDAQHKRGKLTARERISLLLDPGSFVESDMFVEHRCADFGMAADKNKFPGDSVVTGRGRINGRLVYVFSQDFTVFGGSLSGAHA
QKICKIMDQALTVGAPVIGLNDSGGARIQEGVESLAGYADIFLRNVTASGVIPQISLIMGPCAGGAVYSPALTDFTFMVKDTSYLFITGPDVVKSVTNEDVTQEELGGARTHTTMSGVAHRAFENDVDALCNLREFFN
YLPLSNQDPAPVLECHDPSDRLVPELDTIVPLESTKAYNMVDIIHAVVDEREFFEIMPNYAKNIIVGFARMNGRTVGIVGNQPKVASGCLDINSSVKGARFVRFCDSFNIPLITFVDVPGFLPGTAQEYGGIIRHGAK
LLYAFAEATVPKVTVITRKAYGGAYDVMSSKHLCGDTNYAWPTAEIAVMGAKGAVEIIFKGHENVEAAQAEYIEKFANPFPAAVRGFVDDIIQPSSTRARICCDLDVLASKKVQRPWRKHANIPL

MW:58273.770
Digest Matches (Score: 49.83)
Score = 49.830000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = PCCB_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 91 844.610 1687.792 857819.000 2+ 249.330 4129 49 26.100 475 - 489 GHENVEAAQAEYIEK
MSMS 239 724.230 2171.113 1277891.000 3+ -201.397 7 22 33.000 144 - 165 IMDQALTVGAPVIGLNDSGGAR 2: Oxidation (M)
MSMS 315 755.310 2264.047 6062823.000 3+ -58.324 5 15 36.400 446 - 466 HLCGDTNYAWPTAEIAVMGAK 18: Oxidation (M)
Propionyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PCCB PE=1 SV=3 PCCB_HUMAN
MAAALRVAAVGARLSVLASGLRAAVRSLCSQATSVNERIENKRRTALLGGGQRRIDAQHKRGKLTARERISLLLDPGSFVESDMFVEHRCADFGMAADKNKFPGDSVVTGRGRINGRLVYVFSQDFTVFGGSLSGAHA
QKICKIMDQAITVGAPVIGLNDSGGARIQEGVESLAGYADIFLRNVTASGVIPQISLIMGPCAGGAVYSPALTDFTFMVKDTSYLFITGPDVVKSVTNEDVTQEELGGAKTHTTMSGVAHRAFENDVDALCNLRDFFN
YLPLSSQDPAPVRECHDPSDRLVPELDTIVPLESTKAYNMVDIIHSVVDEREFFEIMPNYAKNIIVGFARMNGRTVGIVGNQPKVASGCLDINSSVKGARFVRFCDAFNIPLITFVDVPGFLPGTAQEYGGIIRHGAK
LLYAFAEATVPKVTVITRKAYGGAYDVMSSKHLCGDTNYAWPTAEIAVMGAKGAVEIIFKGHENVEAAQAEYIEKFANPFPAAVRGFVDDIIQPSSTRARICCDLDVLASKKVQRPWRKHANIPL

MW:58178.750
Digest Matches (Score: 49.83)
Score = 49.830000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = PCCB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 91 844.610 1687.792 857819.000 2+ 249.330 4129 49 26.100 475 - 489 GHENVEAAQAEYIEK
MSMS 239 724.230 2171.113 1277891.000 3+ -201.397 7 22 33.000 144 - 165 IMDQAITVGAPVIGLNDSGGAR 2: Oxidation (M)
MSMS 315 755.310 2264.047 6062823.000 3+ -58.324 5 15 36.400 446 - 466 HLCGDTNYAWPTAEIAVMGAK 18: Oxidation (M)
Acetyl-CoA carboxylase 1 OS=Homo sapiens GN=ACACA PE=1 SV=2 ACACA_HUMAN
MDEPSPLAQPLELNQHSRFIIGSVSEDNSEDEISNLVKLDLLEEKEGSLSPASVGSDTLSDLGISSLQDGLALHIRSSMSGLHLVKQGRDRKKIDSQRDFTVASPAEFVTRFGGNKVIEKVLIANNGIAAVKCMRSIR
RWSYEMFRNERAIRFVVMVTPEDLKANAEYIKMADHYVPVPGGPNNNNYANVELILDIAKRIPVQAVWAGWGHASENPKLPELLLKNGIAFMGPPSQAMWALGDKIASSIVAQTAGIPTLPWSGSGLRVDWQENDFSK
RILNVPQELYEKGYVKDVDDGLQAAEEVGYPVMIKASEGGGGKGIRKVNNADDFPNLFRQVQAEVPGSPIFVMRLAKQSRHLEVQILADQYGNAISLFGRDCSVQRRHQKIIEEAPATIATPAVFEHMEQCAVKLAKM
VGYVSAGTVEYLYSQDGSFYFLELNPRLQVEHPCTEEVADVNLPAAQLQIAMGIPLYRIKDIRMMYGVSPWGDSPIDFEDSAHVPCPRGHVIAARITSENPDEGFKPSSGTVQELNFRSNKNVWGYFSVAAAGGLHEF
ADSQFGHCFSWGENREEAISNMVVALKELSIRGDFRTTVEYLIKLLETESFQMNRIDTGWLDRLIAEKVQAERPDTMLGVVCGALHVADVSLRNSVSNFLHSLERGQVLPAHTLLNTVDVELIYEGVKYVLKVTRQSP
NSYVVIMNGSCVEVDVHRLSDGGLLLSYDGSSYTTYMKEEVDRYRITIGNKTCVFEKENDPSVMRSPSAGKLIQYIVEDGGHVFAGQCYAEIEVMKMVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAKMQLDNPSKVQQ
AELHTGSLPRIQSTALRGEKLHRVFHYVLDNLVNVMNGYCLPDPFFSSKVKDWVERLMKTLRDPSLPLLELQDIMTSVSGRIPPNVEKSIKKEMAQYASNITSVLCQFPSQQIANILDSHAATLNRKSEREVFFMNTQ
SIVQLVQRYRSGIRGHMKAVVMDLLRQYLRVETQFQNGHYDKCVFALREENKSDMNTVLNYIFSHAQVTKKNLLVTMLIDQLCGRDPTLTDELLNILTELTQLSKTTNAKVALRARQVLIASHLPSYELRHNQVESIF
LSAIDMYGHQFCIENLQKLILSETSIFDVLPNFFYHSNQVVRMAALEVYVRRAYIAYELNSVQHRQLKDNTCVVEFQFMLPTSHPNRGNIPTLNRMSFSSNLNHYGMTHVASVSDVLLDNSFTPPCQRMGGMVSFRTF
EDFVRIFDEVMGCFSDSPPQSPTFPEAGHTSLYDEDKVPRDEPIHILNVAIKTDCDIEDDRLAAMFREFTQQNKATLVDHGIRRLTFLVAQKDFRKQVNYEVDRRFHREFPKFFTFRARDKFEEDRIYRHLEPALAFQ
LELNRMRNFDLTAIPCANHKMHLYLGAAKVEVGTEVTDYRFFVRAIIRHSDLVTKEASFEYLQNEGERLLLEAMDELEVAFNNTNVRTDCNHIFLNFVPTVIMDPSKIEESVRSMVMRYGSRLWKLRVLQAELKINIR
LTPTGKAIPIRLFLTNESGYYLDISLYKEVTDSRTAQIMFQAYGDKQGPLHGMLINTPYVTKDLLQSKRFQAQSLGTTYIYDIPEMFRQSLIKLWESMSTQAFLPSPPLPSDMLTYTELVLDDQGQLVHMNRLPGGNE
IGMVAWKMTFKSPEYPEGRDIIVIGNDITYRIGSFGPQEDLLFLRASELARAEGIPRIYVSANSGARIGLAEEIRHMFHVAWVDPEDPYKGYRYLYLTPQDYKRVSALNSVHCEHVEDEGESRYKITDIIGKEEGIGP
ENLRGSGMIAGESSLAYNEIITISLVTCRAIGIGAYLVRLGQRTIQVENSHLILTGAGALNKVLGREVYTSNNQLGGIQIMHNNGVTHCTVCDDFEGVFTVLHWLSYMPKSVHSSVPLLNSKDPIDRIIEFVPTKTPY
DPRWMLAGRPHPTQKGQWLSGFFDYGSFSEIMQPWAQTVVVGRARLGGIPVGVVAVETRTVELSIPADPANLDSEAKIIQQAGQVWFPDSAFKTYQAIKDFNREGLPLMVFANWRGFSGGMKDMYDQVLKFGAYIVDG
LRECCQPVLVYIPPQAELRGGSWVVIDSSINPRHMEMYADRESRGSVLEPEGTVEIKFRRKDLVKTMRRVDPVYIHLAERLGTPELSTAERKELENKLKEREEFLIPIYHQVAVQFADLHDTPGRMQEKGVISDILDW
KTSRTFFYWRLRRLLLEDLVKKKIHNANPELTDGQIQAMLRRWFVEVEGTVKAYVWDNNKDLAEWLEKQLTEEDGVHSVIEENIKCISRDYVLKQIRSLVQANPEVAMDSIIHMTQHISPTQRAEVIRILSTMDSPST

MW:265384.850
Digest Matches (Score: 49.51)
Score = 49.510000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = ACACA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 946.880 2838.482 1202108.000 3+ 50.380 39 49 42.800 1123 - 1146 LILSETSIFDVLPNFFYHSNQVVR
MSMS 3891102.050 3303.672 231703.000 3+ 140.313 8 13 39.900 787 - 817 MVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAK 3: Oxidation (M) 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 3891102.050 3303.672 231703.000 3+ 140.313 8 13 39.900 787 - 817 MVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAK 1: Oxidation (M) 12: Carbamidomethyl (C)
Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein U OS=Homo sapiens GN=HNRNPU PE=1 SV=6 HNRPU_HUMAN
MSSSPVNVKKLKVSELKEELKKRRLSDKGLKAELMERLQAALDDEEAGGRPAMEPGNGSLDLGGDSAGRSGAGLEQEAAAGGDEEEEEEEEEEGISALDGDQMELGEENGAAGAADSGPMEEEEAASEDENGDDQGF
QEGEDELGDEEEGAGDENGHGEQDPQPPATQQQQPQQQRGAAKEAAGKSSGPTSLPAVTVAPPGARQGQQQAGGKKAEGGGGGGRPGAPAAGDGKTEQKGGDKKRGVKRPREDHGRGYFEYIEENKYSRAKSPQPPV
EEEDEHFDDTVVCLDTYNCDLHFKISRDRLSASSLTMESFAFLWAGGRASYGVSKGKVCFEMKVTEKIPVRHLYTKDIDIHEVRIGWSLTTSGMLLGEEEFSYGYSLKGIKTCNCETEDYGEKFDENDVITCFANFES
DEVELSYAKNGQDLGVAFKISKEVLAGRPLFPHVLCHNCAVEFNFGQKEKPYFPIPEEYTFIQNVPLEDRVRGPKGPEEKKDCEVVMMIGLPGAGKTTWVTKHAAENPGKYNILGTNTIMDKMMVAGFKKQMADTGKL
NTLLQRAPQCLGKFIEIAARKKRNFILDQTNVSAAAQRRKMCLFAGFQRKAVVVCPKDEDYKQRTQKKAEVEGKDLPEHAVLKMKGNFTLPEVAECFDEITYVELQKEEAQKLLEQYKEESKKALPPEKKQNTGSKKS
NKNKSGKNQFNRGGGHRGRGGFNMRGGNFRGGAPGNRGGYNRRGNMPQRGGGGGGSGGIGYPYPRAPVFPGRGSYSNRGNYNRGGMPNRGNYNQNFRGRGNNRGYKNQSQGYNQWQQGQFWGQKPWSQHYHQGYY

MW:90528.000
Digest Matches (Score: 79.27)
Score = 79.270000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HNRPU_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 239 724.230 2171.146 1277891.000 3+ -216.602 7 13 33.000 182 - 204 EAAGKSSGPTSLFAVTVAPPGAR
MSMS 1991042.730 3126.439 1978192.000 3+ -84.401 23 79 31.100 38 - 69 LQAALDDEEAGGRPAMEPGNGSLDLGGDSAGR
Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 K1C9_HUMAN
MSCRQFSSSYLSRSGGGGGGGLGSGGSIRSSYSRFSSSGGGGGGGRFSSSSGYGGGSSRVCGRGGGGSFGYSYGGGSGGGFSASSLGGGFGGGSRGFGGASGGGYSSSGGFGGGFGGGSGGGGFGGGYGSGFGGFGGFG
GGAGGGDGGILTANEKSTMQELNSRLASYLDKVQALEEANNDLENKIQDWYDKKGPAAIQKNYSPYYNTIDDLKDQIVDLTVGNNKTLLDIDNTRMTLDDFRIKFEMEQNLRQGVDADINGLRQVLDNLTMEKSDLEM
QYETLQEELMALKKNHKEEMSQLTGQNSGDVNVEINVAPGKDLTKTLNDMRQEYEQLIAKNRKDIENQYETQITQIEHEVSSSGQEVQSSAKEVTQLRHGVQELEIELQSQLSKKAALEKSLEDTKNRYCGQLQMIQE
QISNLEAQITDVRQEIECQNQEYSLLLSIKMRLEKEIETYHNLLEGGQEDFESSGAGKIGLGGRGGSGGSYGRGSRGGSGGSYGGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSYGGGSGSGGGSGGGYGGGSGGGHSGGSGGGHSG
GSGGNYGGGSGSGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSHGGGSGFGGESGGSYGGGEEASGSGGGYGGGSGKSSHS

MW:62026.810
Digest Matches (Score: 71.73)
Score = 71.730000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = K1C9_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 131 328.230 982.434 1021717.000 3+ 246.294 2 8 27.900 35 - 46 FSSSGGGGGGGGR
MSMS 174 530.690 1060.563 1428839.000 2+ -179.870 39 18 30.100 225 - 233 TLLDIDNTR
MSMS 14 896.140 1791.728 535822.000 2+ -254.111 16385 71 21.800 491 - 513 GGSGGGSYGGGGGSGGGYGGGSGGSR
MSMS 235 837.450 2510.132 2031261.000 3+ 81.186 14 11 32.800 450 - 472 EIETYHNLLEGGQEDFESSGAGK
60S acidic ribosomal protein P2 OS=Homo sapiens GN=RPLP2 PE=1 SV=1 RLA2_HUMAN
MRYVASYLLAALGGNSSPSAKDIKKILDSVGIEADDDRLNKVISELNGKNIEDVIAQGIGKLASVPAGGAVAVSAAPGSAAPAAGSAPAAAEEKKDEKKEESEESDDDMGFGLFD

MW:11657.850
Digest Matches (Score: 69.29)
Score = 69.290000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = RLA2_HUMAN

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:38
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081020\32Trypsin_BE1_01_1560.d\32Trypsin_BE1_01_1560.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 154 925.220 2774.432 2396936.000 3+ -283.555 29 69 29.100 62 - 94 LASVPAGGAVAVSAAPGSAAPAAGSAPAAAEEK
40S ribosomal protein S10 OS=Homo sapiens GN=RPS10 PE=1 SV=1 RS10_HUMAN
MLMPKKNRIAIYELLFKEGVMVAKKDVHMPKHPELADKNVPNLHVMKAMQSLKSRGYVKEQFAWRHFYWYLTNEGIQYLRDYLHLPPEIVPATLRRSRPETGRPRPKGLEGERPARLTRGEADRDTYRRSAVPPGADK
KAEAGAGSATEFQFRGGFGRGRGQPPQ

MW:18885.870
Digest Matches (Score: 62.35)
Score = 62.350000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = RS10_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 400 555.200 1109.660 3063306.000 2+ -241.509 270 62 40.300 9 - 17 IAIYELLFK
Hepatoma-derived growth factor OS=Homo sapiens GN=HDGF PE=1 SV=1 HDGF_HUMAN
MSRSNRQKEYKCGDLVFAKMKGYPHWPARIDEMPEAAVKSTANKYQVFFFGTHETAFLGPKDLFPYEESKEKFGKPNKRKGFSEGLWEIENNPTVKASGYQSSQKKSCVEEPEPEPEAAEGDGDKKGNAEGSSDEEGK
LVIDEPAKEKNEKGALKRRAGDLLEDSPKRPKEAENPEGEEKEAATLEVERPLPMEVEKNSTPSEPGSGRGPPQEEEEEEDEEEEATKEDAEAPGIRDHESL

MW:26771.870
Digest Matches (Score: 55.61)
Score = 55.610000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = HDGF_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 202 564.110 1127.526 3735639.000 2+ -277.657 262 22 31.200 62 - 70 DLFPYEESK
MSMS 303 910.190 1819.886 13312491.000 2+ -282.244 53 55 35.900 81 - 96 GFSEGLWEIENNPTVK
Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=MCCC2 PE=1 SV=1 MCCB_HUMAN
MWAVLRLALRPCARASPAGPRAYHGDSVASLGTQPDLGSALYQENYKQMKALVNQLHERVEHIKLGGGEKARALHISRGKLLPRERIDNLIDPGSPFLELSQFAGYQLYDNEEVPGGGIITGIGRVSGVECMIIANDA
TVKGGAYYPVTVKKQLRAQEIAMQNRLPCIYLVDSGGAYLPRQADVFPDRDHFGRTFYNQAIMSSKNIAQIAVVMGSCTAGGAYVPAMADENIIVRKQGTIFLAGPPLVKAATGEEVSAEDLGGADLHCRKSGVSDHW
ALDDHHALHLTRKVVRNLNYQKKLDVTIEPSEEPLFPADELYGIVGANLKRSFDVREVIARIVDGSRFTEFKAFYGDTLVTGFARIFGYPVGIVGNNGVLFSESAKKGTHFVQLCCQRNIPLLFLQNITGFMVGREYE
AEGIAKDGAKMVAAVACAQVPKITLIIGGSYGAGNYGMCGRAYSPRFLYIWPNARISVMGGEQAANVLATITKDQRAREGKQFSSADEAALKEPIIKKFEEEGNPYYSSARVWDDGIIDPADTRLVLGLSFSAALNAP
IEKTDFGIFRM

MW:61294.410
Digest Matches (Score: 50.02)
Score = 50.020000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = MCCB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 493 967.070 1933.073 961879.000 2+ 31.017 260 50 44.700 395 - 411 NIPLLFLQNITGFMVGR
Propionyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=PCCB PE=1 SV=3 PCCB_HUMAN
MAAALRVAAVGARLSVLASGLRAAVRSLCSQATSVNERIENKRRTALLGGGQRRIDAQHKRGKLTARERISLLLDPGSFVESDMFVEHRCADFGMAADKNKFPGDSVVTGRGRINGRLVYVFSQDFTVFGGSLSGAHA
QKICKIMDQAITVGAPVIGLNDSGGARIQEGVESLAGYADIFLRNVTASGVIPQISLIMGPCAGGAVYSPALTDFTFMVKDTSYLFITGPDVVKSVTNEDVTQEELGGAKTHTTMSGVAHRAFENDVDALCNLRDFFN
YLPLSSQDPAPVRECHDPSDRLVPELDTIVPLESTKAYNMVDIIHSVVDEREFFEIMPNYAKNIIVGFARMNGRTVGIVGNQPKVASGCLDINSSVKGARFVRFCDAFNIPLITFVDVPGFLPGTAQEYGGIIRHGAK
LLYAFAEATVPKVTVITRKAYGGAYDVMSSKHLCGDTNYAWPTAEIAVMGAKGAVEIIFKGHENVEAAQAEYIEKFANPFPAAVRGFVDDIIQPSSTRARICCDLDVLASKKVQRPWRKHANIPL

MW:58178.750
Digest Matches (Score: 49.83)
Score = 49.830000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = PCCB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 91 844.610 1687.792 857819.000 2+ 249.330 4129 49 26.100 475 - 489 GHENVEAAQAEYIEK
MSMS 239 724.230 2171.113 1277891.000 3+ -201.397 7 18 33.000 144 - 165 IMDQAITVGAPVIGLNDSGGAR 2: Oxidation (M)
MSMS 315 755.310 2264.047 6062823.000 3+ -58.324 5 15 36.400 446 - 466 HLCGDTNYAWPTAEIAVMGAK 18: Oxidation (M)
Acetyl-CoA carboxylase 1 OS=Homo sapiens GN=ACACA PE=1 SV=2 ACACA_HUMAN
MDEPSPLAQPLELNQHSRFIIGSVSEDNSEDEISNLVKLDLLEEKEGSLSPASVGSDTLSDLGISSLQDGLALHIRSSMSGLHLVKQGRDRKKIDSQRDFTVASPAEFVTRFGGNKVIEKVLIANNGIAAVKCMRSIR
RWSYEMFRNERAIRFVVMVTPEDLKANAEYIKMADHYVPVPGGPNNNNYANVELILDIAKRIPVQAVWAGWGHASENPKLPELLLKNGIAFMGPPSQAMWALGDKIASSIVAQTAGIPTLPWSGSGLRVDWQENDFSK
RILNVPQELYEKGYVKDVDDGLQAAEEVGYPVMIKASEGGGGKGIRKVNNADDFPNLFRQVQAEVPGSPIFVMRLAKQSRHLEVQILADQYGNAISLFGRDCSVQRRHQKIIEEAPATIATPAVFEHMEQCAVKLAKM
VGYVSAGTVEYLYSQDGSFYFLELNPRLQVEHPCTEMVADVNLPAAQLQIAMGIPLYRIKDIRMMYGVSPWGDSPIDFEDSAHVPCPRGHVIAARITSENPDEGFKPSSGTVQELNFRSNKNVWGYFSVAAAGGLHEF
ADSQFGHCFSWGENREEAISNMVVALKELSIRGDFRTTVEYLIKLLETESFQMNRIDTGWLDRLIAEKVQAERPDTMLGVVCGALHVADVSLRNSVSNFLHSLERGQVLPAHTLLNTVDVELIYEGVKYVLKVTRQSP
NSYVVIMNGSCVEVDVHRLSDGGLLLSYDGSSYTTYMKEEVDRYRITIGNKTCVFEKENDPSVMRSPSAGKLIQYIVEDGGHVFAGQCYAEIEVMKMVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAKMQLDNPSKVQQ
AELHTGSLPRIQSTALRGEKLHRVFHYVLDNLVNVMNGYCLPDDFFSSKVKDWVERLMKTLRDPSLPLLELQDIMTSVSGRIPPNVEKSIKKEMAQYASNITSVLCQFPSQQIANILDSHAATLNRKSEREVFFMNTQ
SIVQLVQRYRSGIRGHMKAVVMDLLRQYLRVETQFQNGHYDKCVFALREENKSDMNTVLNYIFSHAQVTKKNLLVTMLIDQLCGRDPTLTDELLNILTELTQLSKTTNAKVALRARQVLIASHLPSYELRHNQVESIF
LSAIDMYGHQFCIENLQKLILSETSIFDVLPNFFYHSNQVVRMAALEVVVRRAYIAYELNSVQHRQLKDNTCVVEFQPMLPTSHPNRGNIPTLNRMSPSSNLNHYGMTHVASVSDVLLDNSFTPPCQRMGGMVSFRTF
EDFVRIFDEVMGCFSDSPPQSPTFPEAGHTSLYDEDKVPRDEPIHILNVAIKTDCDIEDDRLAAMFREFTQQNKATLVDHGIRRLTFLVAQKDFRKQVNYEVDRRFHREFPKFFTFRARDKFEEDRIYRHLEPALAFQ
LELNRMRNFDLTAIPCANHKMHLYLGAAKVEVGTEVTDYRFFVRAIIRHSDLVTKEASFEYLQNEGERLLLEAMDELEVAFNNTNVRTDCNHIFLNFVPTVIMDPSKIEESVRSMVMRYGSRLWKLRVLQAELKINIR
LTPTGKAIPIRLFLTNESGYYLDISLYKEVTDSRTAQIMFQAYGDKQGPLHGMLINTPYVTKDLLQSKRFQAQSLGTTYIYDIPEMFRQSLIKLWESMSTQAFLPSPPLPSDMLTYTELVLDDQGQLVHMNRLPGGNE
IGMVAWKMTFKSPEYPEGRDIIVIGNDITYRIGSFGPQEDLLFLRASELARAEGIPRIYVSANSGARIGLAEEIRHMFHVAWVDPEDPYKGYRYLYLTPQDYKRVSALNSVHCEHVEDEGESRYKITDIIGKEEGIGP
ENLRGSGMIAGESSLAYNEIITISLVTCRAIGIGAYLVRLGQRTIQVENSHLILTGAGALNKVLGREVYTSNNQLGGIQIMHNNGVTHCTVCDDFEGVFTVLHWLSYMPKSVHSSVPLLNSKDPIDRIIEFVPTKTPY
DPRWMLAGRPHPTQKGQWLSGFFDYGSFSEIMQPWAQTVVVGRARLGGIPVGVVAVETRTVELSIPADPANLDSEAKIIQQAGQVWFPDSAFKTYQAIKDFNREGLPLMVFANWRGFSGGMKDMYDQVLKFGAYIVDG
LRECCQPVLVYIPPQAELRGGSWVVIDSSINPRHMEMYADRESRGSVLEPEGTVEIKFRRKDLVKTMRRVDPVYIHLAERLGTPELSTAERKELENKLKEREEFLIPIYHQVAVQFADLHDTPGRMQEKGVISDILDW
KTSRTFFYWRLRRLLLEDLVKKKIHNANPELTDGQIQAMLRRWFVEVEGTVKAYVWDNNKDLAEWLEKQLTEEDGVHSVIEENIKCISRDYVLKQIRSLVQANPEVAMDSIIHMTQHISPTQRAEVIRILSTMDSPST

MW:265384.850
Digest Matches (Score: 49.51)
Score = 49.510000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = ACACA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 946.880 2838.482 1202108.000 3+ 50.380 39 49 42.800 1123 - 1146 LILSETSIFDVLPNFFYHSNQVVR
MSMS 3891102.050 3303.672 231703.000 3+ 140.313 8 13 39.900 787 - 817 MVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAK 3: Oxidation (M) 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 3891102.050 3303.672 231703.000 3+ 140.313 8 13 39.900 787 - 817 MVMTLTAVESGCIHYVKRPGAALDPGCVLAK 1: Oxidation (M) 12: Carbamidomethyl (C)
60S ribosomal protein L31 OS=Homo sapiens GN=RPL31 PE=1 SV=1 RL31_HUMAN
MAPAKKGGEKKKGRSAINEVVTREYTINIHKRIHGVGFKKRAPRALKEIRKFAMKEMGTPDVRIDTRLNKAVWAKGIRNVPYRIRVRLSRKRNEDEDSPNKLYTLVTYVPVTTFKNLQTVNVDEN

MW:14453.930
Digest Matches (Score: 44.70)
Score = 44.700000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = RL31_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 341 823.110 1644.925 3113054.000 2+ 175.181 40 44 37.700 102 - 115 LYTLVTYVPVTTFK
60S ribosomal protein L18 OS=Homo sapiens GN=RPL18 PE=1 SV=2 RL18_HUMAN
MGVDIRHNKDRKVRRKEPKSQDIYLRLLVKLYRFLARRTNSTFNQVVLKRLFMSRTNRPPLSLSRMIRKMKLPGRENKTAVVVGTITDDVRVQEVPKLKVCALRVTSRARSRILRAGGKILTFDQLALDSPKGCGTVL
LSGPRKGREVYRHFGKAPGTPHSHTKPYVRSKGRKFERARGRRASRGYKN

MW:21621.070
Digest Matches (Score: 41.75)
Score = 41.750000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = RL18_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 186 673.170 1345.732 1678850.000 2+ -297.073 36 41 30.600 79 - 91 TAVVVGTITDDVR
Neurotrophin-4 OS=Homo sapiens GN=NTF4 PE=1 SV=1 NTF4_HUMAN
MLPLPSCSLPILLLFLLPSVPIESQPPPSTLPPFLAPEWDLLSPRVVLSRGAPAGPPLLFLLEAGAFRESAGAPANRSRRGVSETAPASRRGELAVCDAVSGWVTDRRTAVDLRGREVEVLGEVPAAGGSPLRQYFFE
TRCKADNAEEGGPGAGGGGCRGVDRRHWVSECKAKQSYVRALTADAQGRVGWRWIRIDTACVCTLLSRTGRA

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:38
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081020\32Trypsin_BE1_01_1560.d\32Trypsin_BE1_01_1560.mgf

MW:22412.620
Digest Matches (Score: 34.86)
Score = 34.860000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = NTF4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 375 607.100 1819.745 743717.000 3+ -252.471 46 34 39.300 141 - 159 CKADNAEEGGPGAGGGGCR 1: Carbamidomethyl (C) 18: Carbamidomethyl (C)
MSMS 379 910.150 1819.745 620518.000 2+ -248.470 16 18 39.500 141 - 159 CKADNAEEGGPGAGGGGCR 1: Carbamidomethyl (C) 18: Carbamidomethyl (C)
Baculoviral IAP repeat-containing protein 6 OS=Homo sapiens GN=BIRC6 PE=1 SV=2 BIRC6_HUMAN
MVTGGGAAPPGTVTEPLPSVIVLSAGRKMAAAAAAAASGPGCSSAAGAGAAGVSEWLVLRDGCMHCDADGLHSLSYHPALNAILAVTSRGTIKVIDGTSGATLQASALSAKPGGQVKCQYISAVDKVIFVDDYAVGCRK
DLNGIILLDTALQTPVSKQDDVVQLELPVTEAQQLLSACLEKVDISSTEGYDLFITQLKDGLKNTSHETAANHKVAKWATVTFHLPHHVLKSIASAIVNELKKINQNVAALPVASSVMDRLSYLLPSARPELGVGPGR
SVDRSLMYSEANRRETFTSWPHVGYRWAQPDPMAQAGFYHQPASSGDDRAMCFTCSVCLVCWEPTDEPWSEHERHSPNCPFVKGEHTQNVPLSVTLATSPAQFPCTDGTDRISCFGSGSCPHFLAAATKRGKICIWDV
SKLMKVHLKFEINAYDPAIVQQLILSGDPSSGVDSRRPTLAWLEDSSSCSDIPKLEGDSDDLLEDSDSEEHSRSDSVTGHTSQKEAMEVSLDITALSILQQPEKLQWEIVANVLEDTVKDLEELGANPCLTNSKSEKT
KEKHQEQHNIPFPCLLAGGLLTYKSPATSPISSNSHRSLDGLSRTQGESISEQGSTDNESCTNSELNSPLVRRTLPVLLLYSIKESDEKAGKIFSQMNNIMSKSLHDDGFTVPQIIEMELDSQEQLLLQDPPVTYIQQ
FADAAANLTSPDSEKWNSVFPKPGTLVQCLRLPKFAEEENLCIDSITPCADGIHLLVGLRTCPVESLSAINQVEALNNLNKLNSALCNRRKGELESNLAVVNGANISVIQHESPADVQTPLIIQPEQRNVSGGYLVLY
KMNYATRIVTLEEEPIKIQHIKDPQDTITSLILLPPDILDNREDDCEEPIEDMQLTSKNGFEREKTSDISTLGHLVITTQGGYVKILDLSNFEILAKVEPPKKEGTEEQDTFVSVIYCSGTDRLCACTKGGELHFLQI
GGTCDDIDEADILVDGSLSKGIEPSSEGSKPLSNPSSPGISGVDLLVDQPFTLEILTSLVELTRFETLTPRFSATVPPCWVEVQQEQQQRRHPQHLHQQHHGDAAQHTRTWKLQTDSNSWDEHVFELVLPKACMVGHV
DFKFVLNSNITNIPQIQVTLKNKAPGLGKVNALNIEVEQNGKPSLVDLNEEMQHMDVEESQCLRLCPFLEDHKEDILCGPVWLASGLDLSGHAGMLTLTSPKLVKGMAGGKYRSFLIHVKAVNERGTEEICNGGMRP
VVRLPSLKHQSNKGYSLASLLAKVAAGKEKSSNVKNENTSGTRKSENLRGCDLLQEVSVTIRRFKKTSISKERVQRCAMLQFSEFHEKLVNTLCRKTDDGQITEHAQSLVLDTLCWLAGVHSNGPGSSKEGNENLLSK
TRKFLSDIVRVCFFEAGRSIAHKCARFLALCISNGKCDPCQPAFGPVLLKALLDNMSFLPAATTGGSVYYWYFVLLNYVKDEDLAGCSTACASLLTAVSRQLQDRLTPMEALLQTRYGLYSSPFDPVLFDLEMSGSSCK
NVYNSSIGVQSDEIDLSDVLSGNGKVSSCTAAEGSFTSLTGLLEVEPLHFTCVSTSDGTRIERDDAMSSFGVTPAVGGLSSGTVGEASTALSSAAQVALQSLSHAMASAEQQLQVLQEKQQQLLKLQQQKAKLEAKLH
QTTAAAAAAASAVGPVHNSVPSNPVAAPGFFIHPSDVIPPTPKTTPLFMTPPLTPPNEAVSVVINAELAQLFPGSVIDPPAVNLAAHNKNSNKSRMNPLGSGLALAISHASHFLQPPPHQSIIIERMHSGARRFVTLD
FGRPIILLTDVLIPTCGDLASLSIDIWTLGEEVDGRRLVVATDISTHSLILHDLIPPPVCRFMKITVIGRYGSTNARAKIPLGFYYGHTYILPWESELKLMHDPLKGEGESANQPEIDQHLAMMVALQEDIQCRYNLAC
HRLETLLQSIDLPPLNSANNAQYFLRKPDKAVEEDSRVFSAYQDCIQLQLQLNLAHNAVQRLKVALGASRKMLSETSNPEDLIQTSSTEQLRTIIRYLLDTLLSLLHASNGHSVPAVLQSTFHAQACEELFKHLCISG
TPKIRLHTGLLLVQLCGGERWWGQFLSNVLQELYNSEQLLIFPQDRVFMLLSCIGQRSLSNSGVLESLLNLLDNLLSPLQPQLPMHRRTEGVLDIPMISWVVMLVSRLLDYVATVEDEAAAAKKPLNGNQWSFINNNL
HTQSLNRSSKGSSSLDRLYSRKIRKQLVHHKQQLNLLKAKQKALVEQMEKEKIQSNKGSSYKLLVEQAKLKQATSKHFKDLIRLRRTAEWSRSNLDTEVTTAKESPEIEPLPFTLAHERCISVVQKLVLFLLSMDFTC
HADLLLFVCKVLARIANATRPTIHLCEIVNEPQLERLLLLLVGTDFNRGDISWGGAWAQYSLTCMLQDILAGELLAPVAAEAMEEGTVGDDVGATAGDSDDSLQQSSVQLLETIDEPLTHDITGAPPLSSLEKDKEID
LELLQDLMEVDIDPLDIDLEKDPLAAKVFKPISSTWYDYWGADYGTYNYNPYIGGLGIPVAKPPANTEKNGSQTVSVSVSQALDARLEVGLEQQAELMLKMMSTLEADSILQALTNTSPTLSQSPTGTDDSLLGGLQA
ANQTSQLIIQLSSVPMLNVCFNKLFSMLQVHHVQLESLLQLWLTLSLNSSSTGNKENGADIFLYNANRIPVISLNQASITSFLTVLAWYPNTLLRTWCLVLHSLTLMTNMQLNSGSSSAIGTQESTAHLLVSDPNLIH
VLVKFLSGTSPHGTNQRSPQVGPTATQAMQEFLTRLQVHLSSTCPQIFSEFLLKLIHLSTENGAFQTGQGGPLDAQVKLLEFTLEQNFEVVSVSTISAVIESVTFLVHHYITCSDKVMSRSGSDSSVGARACFGGLFA
NLIRPGDAKAVCGEMTRDQLMFDLLKLVNILVQLPLGSNREYSARVSVTTNTTDSVSDEEKVSGGKDGNGSSTSVQGSPAYVADLVLANQQIMSQILSALGLCNSSAMAMIIGASGLHLTKHENFHGGLDAISVGDGL
FTILTTLSKKASTVHMMLQPILTYMACGYMGRQGSLATCQLSEPLLWFILRVLDTSDALKAFHDMGGVQLICNNMVTSTRAIVNTARSMVSTIMKFLDSGPNKAVDSTLKTRILASEPDNAEGIHNFAPLGTITSSSP
TAQPAEVLLQATPPHRRARSAAWSYIFLPEEAWCDLTIHLPAAVLLKEIHIQPHLASLATCPSSVSVEVSADGVNMLPLSTPVVTSGLTYIKIQLVKAEVASAVCLRLHRPRDASTLGLSQIKLLGLTAFGTTSSATV
NNPFLPSEDQVSKTSIGWLRLLHHCLTHISDLEGMMASAAAPTANLLQTCAALLMSPYCGMHSPNIEVVLVKIGLQSTRIGLKLIDILLRNCAASGSDPTDLNSPLLFGRLNGLSSDSTIDILYQLGTTQDPGTKDRI
QALLKWVSDSARVAAMKRSGRMNYMCPNSSTVEYGLLMPSPSHLHCVAAILWHSYELLVEYDLPALLDQELFELLFNWSMSLPCNMVLKKAVDSLLCSMCHVHPNYFSLLMGWMGITPPPVQCHHRLSMTDDSKKQDL
SSSLTDDSKNAQAPLALTESHLATLASSSQSPEAIKQLLDSGLPSLLVRSLASFCFSHISSSESIAQSIDISQDKLRRHHVPQQCNKMPITADLVAPILRFLTEVGNSHIMKDWLGGSEVNPLWTALLFLLCHSGSTS
GSHNLGAQQTSARSASLSSAATTGLTTQQRTAIENATVAFFLQCISCHPNNQKLMAQVLCELFQTSPQRGNLPTSGNISGFIRRLFLQLMLEDEKVTMFLQSPCFLYKGRINATSHVIQHPMYGAGHKFRTLHLPVST
TLSDVLDRVSDTPSITAKLISEQKDDKEKKNHEEKEKVKAENGFQDNYSVVVASGLKSQSKRAVSATPPRPPSRRGRTIPDKIGSTSGAEAANKIITVPVFHLPHKLLAGQPLPAEMTLAQLLTLLYDRKLPQGYRSI
DLTVKLGSRVITDPSLSKTDSYKRLHPEKDHGDLLASCPEDEALTPGDECMDGILDESLLETCPIQSPLQVFAGMGGLALIAERLPMLYPEVIQQVSAPVVTSTTQEKPKDSDQFEWVTIEQSGELVYEAPETVAAEP
PPIKSAVQTMSPIPAHSLAAFGLFLRLPGYAEVLLKERKHAQCLLRLVLGVTDDGEGSHILQSPSANVLPTLPFHVLRSLFSTTPLTTDDGVLLRRMALEIGALHLILVCLSALSHHSPRVPNSSVNQTEPQVSSSHN
PTSTEEQQLYWAKGTGFGTGSTASGWDVEQALTKQRLEEEHVTCLLQVLASYINPVSSAVNGEAQSSHETRGQNSNALPSVLLELLSQSCLIPAMSSYLRNDSVLDMARHVPLYRALLELLRAIASCAAMVPLLLPLS
TENGEEEEEQSECQTSVGTLLAKMKTCVDTYTNRLRSKRENVKTGVKPDASDQEPEGLTLLVPDIQKTAEIVYAATTSLRQANQEKKLGEYSKKAAMKPKPLSVLKSLEEKYVAVMKKLQFDTFEMVSEDEDGKLGFK
VNYHYMSQVKNANDANSAARARRLAQEAVTLSTSLPLSSSSSVFVRCDEERLDIMKVLITGPADTPYANGCFEFDVYFPQDYPSSPPLVNLETTGGHSVRFNPNLYNDGKVCLSILNTWHGRPEEKWNPQTSSFLQVL
VSVQSLILVAEPYFNEPGYERSRGTPSGTQSSREYDGNIRQATVKWAMLEQIRNPSPCFKEVIHKHFYLKRVEIMAQCEEWIADIQQYSSDKRVGRTMSHHAAALKRHTAQLREELLKLPCPEGLDPDTDDAPEVCRA
TTGAEETLMHDQVKPSSSKELPSDFQL

MW:529919.330
Digest Matches (Score: 33.87)
Score = 33.870000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = BIRC6_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 201113.590 2226.010 422315.000 2+ 73.117 14 10 22.000 3097 - 3116 AFHDMGGVQLICNNMVTSTR 5: Oxidation (M) 15: Oxidation (M)
MSMS 4521128.740 2257.149 5033311.000 2+ -299.850 20 33 42.900 751 - 771 TCPVESLSAINQVEALNNLNK
Spindlin-4 OS=Homo sapiens GN=SPIN4 PE=2 SV=1 SPIN4_HUMAN
MSPPTVPPMGVDGVSAYLMKKRHTHRKQRRKPTFLTRRNIVGCRIQHGWKEGNEPVEQWKGTVLEQVSVKPTLYIIKYDGKDSVYGLELHRDKRVLALEILPERVPTPRIDSRLADSLIGKAVEHVFEGEHGTKDEWK
GMVLARAPVMDTWFYITYEKDPVLYMYTLLDDYKDGDLRIIPDSNYYFPTAEQEPGEVVDSLVGKQVEHAKDDGSKRTGIFIHQVVAKPSVYFIKFDDDIHIYVYGLVKTP

MW:28641.840
Digest Matches (Score: 33.46)
Score = 33.460000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = SPIN4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 111 654.680 1961.971 3381047.000 3+ 27.708 51 33 27.000 2 - 20 SPPTVPPMGVDGVSAYLMK 8: Oxidation (M)
Nucleophosmin OS=Homo sapiens GN=NPM1 PE=1 SV=2 NPM_HUMAN
MEDSMDMDMSPLRPQNYLFGCELKADKDYHFKVDNDENEHQLSLRTVSLGAGAKDELHIVEAEAMNYEGSPIKVTLATLKMSVQPTVSLGGFEITPPVVLRLKCGSGPVHISGQHLVAVEEDAESEDEEEEDVKLLSI
SGKRSAPGGGSKVPQKKVKLAADEDDDDDDEEDDDEDDDDDDFDDEEAEEKAPVKKSIRDTPAKNAQKSNQNGKDSKPSSTPRSKGQESFKKQEKTPKTPKGPSSVEDIKAKMQASIEKGGSLPKVEAKFINYVKNCF
RMTDQEAIQDLWQWRKSL

MW:32554.840
Digest Matches (Score: 33.17)
Score = 33.170000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = NPM_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 1 802.090 1602.783 124344.000 2+ 243.296 38 33 17.100 207 - 221 SNQNGKDSKPSSTPR
60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HSPD1 PE=1 SV=2 CH60_HUMAN
MLRLPVTFRQMRPVSRVLAPHLTRAYAKDVKFGADARALMLQGVDLLADAVAVTMGPKGRTVIIEQSWGSPKVTKDGVTVAKSIDLKDKYKNIGAKLVQDVANNTNEEAGDGTTTATVLARSIAKEGFEKISKGANPV
EIRRGVMLAVDAVIAELKKQSKPVTTPEEIAQVATISANGDKEIGNIISDAMKKVGRKGVITVKDGKTLNDELEIIEGMKFDRGYISPYFINTSKGQKCEFQDAYVLLSEKKISSIQSIVPALEIANAHRKPLVIIAE
DVDGEALSTLVLNRLKVGLQVVAVKAPGFGDNRKNQLKDMAIATGGAVFGEEGLTLNLEDVQPHDLGKVGEVIVTKDDAMLLKGKGDKAQIEKRIQEIIEQLDVTTSEYEKEKLNERLAKLSDGVAVLKVGGTSDVEV
NEKKDRVTDALNATRAAVEEGIVLGGGCALLRCIPALDSLTPANEDQKIGIEIIKRTLKIPAMTIAKNAGVEGSLIVEKIMQSSSEVGYDAMAGDFVNMVEKGIIDPTKVVRTALLDAAGVASLLTTAEVVVTEIPKE
EKDPGMGAMGGMGGGMGGGMF

MW:61016.380
Digest Matches (Score: 32.40)
Score = 32.400000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = CH60_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 496 704.990 2113.140 1108783.000 3+ -87.166 22 32 44.800 38 - 58 ALMLQGVDLLADAVAVTMGPK
Calcineurin-binding protein cabin-1 OS=Homo sapiens GN=CABIN1 PE=1 SV=1 CABIN_HUMAN
MIRIAALNASSTIEDDHEGSFKSHKTQTKEAQEAEAFALYHKALDLQKHDRFEESAKAYHELLEASLLREAVSSGDEKEGLKHPGLILKYSTYKNLAQLAAQREDLETAMEFYLEAVMLDSTDVNLWYKIGHVALRLI
RIPLARHAFEEGLRCNPDHWPCLDNLITVLYTLSDYTTCLYFICKALEKDCRYSKGLVLKEKIFEEQPCLRKDSLRMFLKCDMSIHDVSVSAAETQAIVDEALGLRKKRQALIVREKEPDLKLVQPIPFFTWKCLGES
LLAMYNHLTTCEPPRPSLGKRIDLSDYQDPSQPLESSMVVTPVNVIQPSTVSTNPAVAVAEPVVSYTSVATTSFPLHSPGLLETGAPVGDISGGDKSKKGVKRKKISEESGETAKRRSARVRNTKCKKEEKVDFQELL
MKFLPSRLRKLDPEEEDDSFNNYEVQSEAKLESFPSIGPQRLSFDSATFMESEKQDVHEFLLENLTNGGILELMMRYLKAMGHKFLVRWPPGLAEVVLSVYHSWRRHSTSLPNPLLRDCSNKHIKDMMLMSLSCMELQ
LDQWLLTKGRSSAVSPRNCPAGMVNGRFGPDFPGTHCLGDLLQLSFASSQRDLFEDGWLEFVVRVYWLKARFLALQGDMEQALENYDICTEMLQSSTAIQVEAGAERRDIVIRLPNLHNDSVVSLEEIDKNLKSLERC
QSLEEIQRLYEAGDYKAVVHLLRPTLCTSGFDRAKHLEFMTSIPERPAQLLLLQDSLLRLKDYRQCFECSDVALNEAVQQMVNSGEAAAKEEWVATVTQLLMGIEQALSADSSGSILKVSSSTTGLVRLTNNLIQVID
CSMAVQEEAKEPHVSSVLPWIILHRIIWQEEDTFHSLCHQQQLQNPAEEGMSETPMLPSSLMLLNTAHEYLGRRSWCCNSDGALLRFYVRVLQKELAASTSEDTHPYKEELETALEQCFYCLYSFPSKKSKARYLEEH
SAQQVDLIWEDALFMFEYFKPKTLPEFDSYKTSTVSADLANLLKRIATIVPRTERPALSLDKVSAYIEGTSTEVPCLPEGADPSPPVVNELYYLLADYHFKNKEQSKAIKFYMHDICICPNRFDSWAGMALARASRIQ
DKLNSNELKSDGPIWKHATPVLNCFRRALEIDSSNLSLWIEYGTMSYALHSFASRQLKQWRGELPPELVQQMEGRRDSMLETAKHCFTSAARCEGDGDEEEWLIHYMLGKVAEKQQQPPTVYLLHYRQAGHYLHEEAA
RYPKKIHYHNPPELAMEALEVYFRLHASILKLLGKPDSGVGAEVLVNFMKEAAEGPFARGEEKNTPKASEKEKACLVDEDSHSSAGTLPGPGASLPSSSGPGLTSPPYTATPIDHDYVKCKKPHQQATPDDRSQDSTA
VALSDSSSTQDFFNEPTSLLEGSRKSYTEKRLPILSSQAGATGKDLQGATEERGKNEESLESTEGFRAAEQGVQKPAAETPASACIPGKPSASTPTLWDGKKRGDLPGEPVAFPQGLPAGAEEQRQFLTEQCIASFRL
CLSRFPQHYKSLYRLAFLYTYSKTHRNLQWARDVLLGSSIPWQQLQHMPAQGLFCERNKTNFFNGIWRIPVDEIDRPGSFAWHMNRSIVLLLKVLAQLRDHSTLLKVSSMLQRTPDQGKKYLRDADRQVLAQRAFILT
VKVLEDTLSELAEGSERPGPKVCGLPGARMTTDVSHKASPEDGQEGLPQPKKPPLADGSGPGPEPGGKVGLLNHRPVAMDAGDSADQSGERKDKESPRAGPTEPMDTSEATVCHSDLERTPPLLPGRPARDRGPESRP

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:38
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\081020\32Trypsin_BE1_01_1560.d\32Trypsin_BE1_01_1560.mgf

TELSLEELSISARQQPTPLTPAQPAPAPAPATTTGTRAGGHPEEPLSRLSRKRKLLEDTESGKTLLLDAYRVWQQGQKGVAYDLGRVERIMSETYMLIKQVDEEAALEQAVKFCQVHLGAAAQRQASGDTPTTPKHPK
DSRENFFPVTVVPTAPDPVPADSVQRPSDAHTKPRPALAAATTIITCPPSASASTLDQSKDPGPPRPHRPEATPSMASLGPEGEELARVAEGTSFPPQEPRHSPQVKMAPTSSPAEPHCWPAEAALGTGAEPTCSQEG
KLRPEPRRDGEAQEAASETQPLSSPPTAASSKAPSSGSAQPPEGHPGKPEPSRAKSRPLPNMPKLVIPSAATKFPPEITVTPPTPTLLSPKGSISEETKQKLKSAILSAQSAANVRKESLCQPALEVLETSSQESSLE
SETDEDDDYMDI

MW:246196.870
Digest Matches (Score: 32.25)
Score = 32.250000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = CABIN_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 240 715.170 1429.717 3126677.000 2+ -268.887 34 32 33.100 1894 - 1906 QVDEEAALEQAVK
Protein FAM193A OS=Homo sapiens GN=FAM193A PE=1 SV=2 F193A_HUMAN
MKVRLLRQLSAAAKVKAPSGLQGPPQAHQFISLLLEEYGALCQAARSISTFLGTLENEHLKKFQVTWELHNKHLFENLVFSEPLLQSNLPALVSQIRLGTTTHDTCSEDTYSTLLQRYQRSEEELRRVAEEWLECQKR
IDAYVDEQMTMKTKQRMLTEDWELFKQRRFIEEQLTNKKAVTGENNFTDTMRHMLSSRLSMPDCPNCNYRRRCACDDCSLSHILTCGIMDPPVTDDIHIHQLPLQVDPADYLAERSPPSVSSASSGSGSSSPITIQQ
HPRLILTDSGSAPTFCSDDEDVAPLSAKFADIYPLSNYDDTEVVANMNGIHSELNGGGENMALKDESPQISSTSSSSSEADDEEADGESSGEPPGAPKEDGVLGSRSPRTEESKADSPPPSYPTQQAEQAPNTCECHV
CKQEASGLTPSAMTAGALPPGHQFLSPEKPTHPALHLYPHIHGHVPLHTVPHLPRPLIHPTLYATPPFTHSKALPPAPVQNHTNKHQVFNASLQDHIYPSCFGNTPEWNSSKFISLWGSEVMNDKNWNPGTFLPDTIS
GSEILGPTLSETRPEALPPPSSNETPAVSDSKEKKNAAKKKCLYNFQDAFMEANKVVMATSSATSSVSCTATTVQSSNSQFRVSSKRPPSVGDVFHGISKEDHRHSAPAAPRNSPTGLAPLPALSPAALSPAALSPAS
TPHLANLAAPSFPKTATTTPGFVDTRKSFCPAPLPPATDGSISAPPSVCSDPDCEGHRCENGVYDPQQDDGDESADEDSCSEHSSSTSTSTNQKEGKYCDCCYCEFFGHGGPPAAPTSRNYAEMREKLRLRLTKRKEE
QPKKMDQISERESVVDHRRVEDLLQFINSSETKPVSSTRAAKRARHKQRKLEEKARLEAEARAREHLHLQEEQRRREEEEDEEEEDRFKEEFQRLQELQKLRAVKKKKKERPSKDCPKLDMLTRNFQAATESVPNSG
NIHNGSLEQTEEPETSSHSPSRHMNHSEPRPGLGADGDAADPVDTRDSKFLLPKEVNGKQHEPLSFFFDIMQHHKEGNGKQKLRQTSKASSEPARRPTEPPKATEGQSKPRAQTESKAKVVDLMSITEQKREERKVNS
NNNNKKQLNHIKDEKSNPTPMEPTSPGEHQQNSKLVLAESPQPKGKNKKNKKKKGDRVNNSIDGVSLLLPSLGYNGAILAHCNLRLPGSSDCAASASQVVGITDDVFLPKDIDLDSVDMDETEREVEYFKRFCLDSAR
QTRQRLSINWSNFSLKKATFAAH

MW:139900.720
Digest Matches (Score: 31.67)
Score = 31.670000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = F193A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 187 841.210 841.416 1259573.000 1+ -245.425 33 31 30.600 840 - 846 ESVVDHR
Centrosomal protein of 152 kDa OS=Homo sapiens GN=CEP152 PE=1 SV=3 CE152_HUMAN
MSLDFGSVALPVQNEDEEYDEEDYEREKELQQLLTDLPHDMLDDDLSSPELQYSDCSEDGTDGQPHHPEQLEMSWNEQMLPKSQSVNGYNEIQSLYAGEKCGNVWEENRSKTEDRHPVYHPEEGGDEGGSGYSPPSKC
EQTDLYHLPENFRPYTNGQKQEFNNQATNVIKFSDPQWNHFQGPSCQGLEPYNKVTYKPYQSSAQNNGSPAQEITGSDTFEGLQQQFLGANENSAENMQIIQLQVLNKAKERQLENLIEKLNESERQIRYLNHQLVII
KDEKDGLTLSLRESQKLFQNGKEREIQLEAQIKALETQIQALKVNEEQMIKKSRTTEMALESLKQQLVDLHHSESLQRAREQHESIVMGLTKKYEEQVLSLQKNLDATVTALKEQEDICSRLKDHVKQLERNQEAIKL
EKTEIINKLTRSLEESQKQCAHLLQSGSVQEVAQLQFQLQQQAQKAHAMSANMNKALQEELTELKDEISLYESAAKLGIHPSDSEGELNIELTESYVDLGIKKVNWKKSKVTSIVQEEDPNEELSKDEFILKLKAEVQR
LLGSNSMKRHLVSQLQNDLKDCHKKIEDLHQVKKDEKSIEVETKTDTSEKPKNQLWPESSTSDVVRDDILLLKNEIQVLQQQNQELKETEGKLRNTNQDLCNQMRQMVQDFDHDKQEAVDRCERTYQQHHEAMKTQIR
ESLLAKHALEKQQLFEAYERTHLQLRSELDKLNKEVTAVQECYLEVCREKDNLELTLRKTTEKEQQTQEKIKEKLIQQLEKEWQSKLDQTIKAMKKKTLDCGSQTDQVTTSDVISKKEMAIMIEEQKCTIQQNLEQEK
DIAIKGAMKKLEIELELKHCENITKQVEIAVQNAHQRWLGELPELAEYQALVKAEQKKWEEQHEVSVNKRISFAVSEAKEKWKSELENMRKNILPGKELEEKIHSLQKELELKNEEVPVVIRAELAKARSEWNKEKQE
EIHRIQEQNEQDYRQFLDDHRNKINEVLAAAKEDFMKQKTELLLQKETELQTCLDQSRREWTMQEAKRIQLEIYQYEEDILTVLGVLLSDTQKEHISDSEDKQLLEIMSTCSSKWMSVQYFEKLKGCIQKAFQDTLPL
LVENADPEWKKRNMAELSKDSASQGTGQGDPGPAAGHHAQPLALQATEAEAEENNKVVEELIEENNDMKNKLEELQTLCKTPPRSLSAGAIENACLPCSGGALEELRGQYIKAVKKIKCDMLRYIQESKERAAEMVKA
EVLRERQETARKMRKYYLICLQQILQDDGKEGAEKKIMNAASKLATMAKLLETPISSKSQSKTTQSALPLTSEMLIAVKKSKRNDVNQKIPCCIESKSNSVNTITRTLCEQAPKRRAACNLQRLLENSEHQSIKHVGS
KETHLEFQFGDGSCKHLNSLPRNVSPEFVPCEGEGGFGLHKKKDLLSDNGSESLPHSAAYPFLGTLGNKPSPRCTPGPSESGCMHITFRDSNERLGLKVYKCNPLMESENAASEKSQGLDVQEPPVKDGGDLSDCLGW
PSSSATLSFDSREASFVHGRPQGTLEIPSESVKSKQFSPSGYLSDTEESNMICQTMKCQRYQTPYLSEETTYLEPGKISVNCGHPSRHKADRLKSDFKKLSSTLPSSVCQQPSRKLIVPLSSQQDSGFDSPFVNLD

MW:188952.580
Digest Matches (Score: 30.99)
Score = 30.990000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = CE152_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 649.760 1947.083 11723537.000 3+ 93.718 35 30 33.800 1305 - 1322 TTQSALPLTSEMLIAVKK 12: Oxidation (M)
Ankyrin repeat domain-containing protein 20A1 OS=Homo sapiens GN=ANKRD20A1 PE=1 SV=1 A20A1_HUMAN
MKLFGFGSRRGQTAQGSIDHVYTGSGYRIRDSELQKIHRAAVKGDAAEVERCLARRSGDLDALDKQHRTALHLACTSGHVQVVTLLVNRKCQIDVCDKENRTPLIQAVHCQEEACAVILLEHGANPNLKDIYGNTALH
YAVYSESTSLAEKLLSHGAHIEALDKDNNTPLLFAIICKKEKMVEFLLKKKASSHAVDRLRRSALMLAVYYDSPGIVNILLKQNIDVFAQDMCGRDAEDYAISHHLTKIQQQILEHKKKILKKEKSDVGSSDESAVSI
FHELRVDSLPASDDKDLNVATKQCVPEKVSEPLPGSSHEKGNRIVNGQGEGPPAKHPSLKPSTEVEDPAVKGAVQRKNVQTLRAEQALPVASEEEQERHERSEKKQPQVKEGNNTNKSEKIQLSENICDSTSSAAAGR
LTQQRKIGKTYPQQFPKKLKEEHDRCTLKQENEEKTNVNMLYKKNREELERKEKQYKKEVEAKQLEPTVQSLEMKSKTARNTPNWDFHNHEEMKGLMDENCILKADIAILRQEICTMKNDNLEKENKYLKDIKIVKET
NAALEKYIKLNEEMITETAFRYQQELNDLKAENTRLNAELLKEKESKKRLEADIESYQSRLAAAISKHSESVKTERNLKLALERTRDVSVQVEMSSAISKVKAENEFLTEQLSETQIKFNALKDKFRKTRDSLRKKSL
ALETVQNDLSQTQQQTQEMKEMYQNAEAKVNNSTGKWNCVEERICHLQRENAWLVQQLDDVHQKEDHKEIVTNIQRGFIESGKKDLVLEEKSKKLMNECDHLKESLFQYEREKTEGVVSIKEDKYFQTSRKTI

MW:93989.270
Digest Matches (Score: 28.90)
Score = 28.900000, Rank = 19, Database = SwissProt, Accesskey = A20A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 104 551.610 1102.502 4442087.000 2+ -262.577 30 28 26.700 785 - 793 LMNECDHLK
MSMS 402 539.980 1617.852 1640253.000 3+ 45.670 11 13 40.500 478 - 491 QLEPTVQSLEMKSK
40S ribosomal protein S7 OS=Homo sapiens GN=RPS7 PE=1 SV=1 RS7_HUMAN
MFSSSAKIVKPNGEKPDEFESGISQALLELEMNSDLKAQLRELNITAAKEIEVGGGRKAIIIFVPVPQLKSFQKIQVRLVRELEKKFSGKHVVFIAQRRILPKPTRKSRTKNKQKRPRSRTLTAVHDAILEDLVFPSE
IVGKRIRVKLDGSRLIKVHLDKAQQNNVEHKVETFSGVYKKLTGKDVNFEFPEFQL

MW:22113.260
Digest Matches (Score: 27.61)
Score = 27.610000, Rank = 20, Database = SwissProt, Accesskey = RS7_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 498 356.560 1067.523 1839121.000 3+ 133.728 12 8 44.900 161 - 169 AQQNNVEHK
MSMS 3961183.810 2367.281 3464938.000 2+ -282.251 19 27 40.200 121 - 142 TLTAVHDAILEDLVFPSEIVGK

Abbildung 8-8: Mascot-Report Kontroll-Eluat (Leervektor) 1.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:49
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_2h_BA3_01_924.d\Probe48_2h_BA3_01_924.mgf

Sequence Name:		Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008
MH+ (mono):	1.008				

Sequence data:

Intensity Coverage:	0.0 % (0 cnts)	Sequence Coverage MS:	0.0%
Sequence Coverage MS/MS:	0.0%	pI (isoelectric point):	0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 TRYP_PIG
FPTDDDDKIVGGYTCAANSIPYQVSLNSGSHFCGGSLINSQWVVSAAHCYKSRIQVRLGEHNIDVLEGNEQFINAAKIITHPNFNGNTLDNDIMLIKLSSPATLNSRVATVSLPRSCAAAGTECLISGWGNTKSSGSS
YPSLLQCLKAPVLSDSSCKSSYPGQITGNMICVGFLEGGKDSCQGDSGGPVVCNGQLQGIVSWGYGCAQKNKPGVYTKVCNYVNWIQQTIAAN

MW:24393.810
Digest Matches (Score: 172.72)
Score = 172.716667, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = TRYP_PIG
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 289 1105.857 2211.104 136238.000 2+ -179.484 1631 131 36.531 58 - 77 LGEHNIDVLEGNEQFINAAK
MSMS 352 761.740 2283.180 139204.000 3+ 11.476 669 65 39.261 78 - 97 IITHPNFNGNTLDNDIMLIK
MSMS 331 767.050 2299.175 196069.000 3+ -17.505 190 57 38.282 78 - 97 IITHPNFNGNTLDNDIMLIK 17: Oxidation (M)
78 kDa glucose-regulated protein OS=Mus musculus GN=Hspa5 PE=1 SV=3 GRP78_MOUSE
MMKFTVVAAALLLLGAVRAEEEDKKEDVGTVVGIDLGTTYSCVGVFKNGRVEIIANDQGNRITPSYVAFTPEGERLIGDAAKNQLTSNPENTVFDAKRLIGRTWNDPSVQQDIKFLPFKVVEKKTKPYIQVDIGGGQT
KTFAPEEISAMVLTKMKETAEAYLGKKVTHAVVTVPAYFNDAQRQATKDAGTIAGLNVMRIINEPTAAAIAYGLDKREGEKNILVFDLGGGTFDVSLLTIDNGVFEVVATNGDTHLGGEDFDQRVMEHFIKLYKKKTG
KDVRKDNRAVQKLRREVEKAKRALSSQHQARIEIESFFEGEDFSETLTRAKFEELNMDLFRSTMKPVQKVLEDSDLKKSDIDEIVLVGGSTRIPKIQQLVKEFFNGKEPSRGINPDEAVAYGAAVQAGVLSGDQDTGD
LVLLDVCPLTLGIETVGGVMTKLIPRNTVVPTKKSQIFSTASDNQPTVTIKVYEGERPLTKDNHLLGTFDLTGIPPAPRGVPQIEVTFEIDVNGILRVTAEDKGTGNKNKITITNDQNRLTPEEIERMVNDAEKFAEE
DKKLKERIDTRNELESYAYSLKNQIGDKEKLGGKLSSEDKETMEKAVEEKIEWLESHQDADIEDFKAKKKELEEIVQPIISKLYGSGGPPPTGEEDTSEKDEL

MW:72377.460
Digest Matches (Score: 118.15)
Score = 118.150000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = GRP78_MOUSE
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 329 830.378 1659.895 316569.000 2+ -88.159 16907 118 38.196 199 - 214 IINEPTAAAIAYGLDK
MSMS 412 739.145 2215.233 57957.000 3+ 84.282 41 17 41.561 4 - 24 FTVVAAALLLLGAVRAEEEDK
ANIONIC TRYPSIN-1 OS=RATTUS NORVEGICUS GN=PRSS1 PE=1 SV=1
MSALLILALVGAAVAFPLEDDDKIVGGYTCPEHSVPYQVSLNSGYHFCGGSLINDQWVVSAAHCYKSRIQVRLGEHNINVLEGDEQFINAAKIIKHPNYSSWTLNNDIMLIKLSSPVKLNARVAPVALPSACAPAGTQ
CLISGWGNTLSNGVNNPDLLQCVDAPVLSQADCEAAYPGEITSSMICVGFLEGGKDSCQGDSGGPVVCNGQLQGIVSWGYGCALPDNPGVYTKVCNFVGWIQDTIAAN

Digest Matches (Score: 113.12)
Score = 113.120000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TRY1_RAT
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 289 1105.857 2211.104 136238.000 2+ -179.484 1158 113 36.531 73 - 92 LGEHNINVLEGDEQFINAAK
Uncharacterized protein C3orf19 homolog OS=Mus musculus PE=2 SV=1 CC019_MOUSE
MDRKKKPLDVTASSLVDLKAELFRKQEEFKQEKLLKDSGVFGKPKTINKKPSIWSKQNAGVTSRAEKDAEQKLEEQKTLDKAREKLEEKAKLYEKMTKGDFLDEEVEDMYLVDFTQKIIVKRKEMEVLGATRESQIEE
ERDDDDKEEFSDKDIPPPQDPSEEWVDYVDSLGRSSRRCMRKDLPSLLEMDKNLQGRLFVSPANEKTLLSEDMRKELQRQQWEEEEREALKKPMGPIHYEDIRENEARQLGVGYFAFARDKELRNKQMKTLEMLREQTT
DQRIKRENIKEKRKAMLEARLAKLRQKKMKKSKEDGTEEEGREADGVVPEPSEPKPVPAPAPVAQNSKVEVIIQERRDTKPGVPHIREWDRGKDFSFGFWSKKQSELRAERDPEFAPPSNYFVGQKRTAPMSSQPQSR
PGSAPSDLGHSSGQSQEPSSSHTSTPASESSPQAPTVTFQTLDDMISYYKQVT

MW:53908.350
Digest Matches (Score: 63.36)
Score = 63.360000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = CC019_MOUSE
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.356 1149.593 145795.000 2+ 96.736 43 63 31.174 123 - 132 KEMEVLGATR 3: Oxidation (M)
NEUROFILAMENT MEDIUM POLYPEPTIDE OS=BOS TAURUS GN=NEFM PE=1 SV=3
MSYTLDSLGNPSAYRRVTETRSSFSRISGSPSSGFRSQSWSRGSPSTVSSSYKRSALAPRLTYSSAMLSSAESSLDFSQSSSLLDGGSGPGGDYKLSRSNEKEQIQGLNDRFAGYIEKVHYLEQQNKEIEAEIQALRQ
KQASHAQLGDAYDQEIRELRATLEMVNHEKAQVQLDSDHLEEDIHRLKERFEEEARLRDDTEAAIRALRKDIEESSLVKVELDKKVQSLQDEVAFLRSNHEEEVADLLAQIQASHITVERKDYLKTDISTALKEIRSQ
LESHSDQNMHQAEEWFKCRYAKLTEAAEQNKEAIRSAKEEIAEYRRQLQSKSIELESVRGTKESLERQLSDIEERHNNDLSSYQDTIQQLENELRGTKWEMARHLREYQDLLNVKMALDIEIAAYRKLLEGEETRFST
FAGSITGPLYTHRQPSIAISSKIQKTKVEAPKLKVQHKFVEEIIEETKVEDEKSEMEEALTAITEELAVSVKEEVKEEEAEEKEKEEAEEEVVAAKKSPVKATAPELKEEEGEKEEEEGQEEEEEEEEAAKSDQAEE
GGSEKEGSSEKEEGEQEEEGETEAEGEGEEAAAEAKEEKKMEEKAEEVAPKEELAAEAKVEKPEKAKSPVAKSPTTKSPTAKSPEAKSPEAKSPTAKSPTAKSPVAKSPTAKSPEAKSPEAKSPTAKSPTAKSPAAKS
PAPKSPVEEVKPKAEAGAEKGEQKEKVEEEKKEAKESPKEEKAEKKEEKPKDVPEKKKAESPVKAESPVKEEVPAKPVKVSPEKEAKEEEKPQEKEKEKEKVEEVGGKEEGGLKESRKEDIAINGEVEGKEEEQETKE
KGSGGEEEKGVVTNGLDVSPGDEKKGGDKSEEKVVVTKMVEKITSEGGDGATKYITKSVTVTQKVEEHEETFEEKLVSTKKVEKVTSHAIVKEVTQSD

Digest Matches (Score: 55.66)
Score = 55.660000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = NFM_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 229 499.316 499.287 313186.000 1+ 57.482 19 1 34.540 690 - 694 SPAPK
MSMS 132 575.356 1149.527 145795.000 2+ 154.441 38 55 31.174 821 - 829 EEEQETKEK
MSMS 397 780.064 1558.761 46241.000 2+ 230.510 10 8 40.938 22 - 36 SSFSRISGSPSSGFR
HIRA-INTERACTING PROTEIN 3 OS=HOMO SAPIENS GN=HIRIP3 PE=1 SV=3
MAREKEMQEFTRSFFRGRPDLSTLTHSIVRRRYLAHSGRSHLEPEEKQALKRLVEEELLKMQVDEAASREDKLDLTKKGKRPPTPCSDPERKRFRFNSESESGSEASSPDYFGPPAKNGVAAEVSPAKEENPRRASKA
VEESSDEERQRDLPAQRGEESSEEEEKGYKGKTRKKPVVKKQAPGKASVSRKQAREESEESEAEPVQRTAKKVEGNKGTKSLKESEQESEEEILAQKKEQREEEVEEEEKEEDEEKGDWKPRTRSNGRRKSAREERSC
KQKSQAKRLLGDSDSEEEQKEAASSGDDSGRDREPPVQRKSEDRTQLKGGKRLSGSSEDEEDSGKGEPTAKGSRKMARLGSTSGEESDLEREVSDSEAGGGPQGERKNRSSKKSSRKGRTRSSSSSSDGSPEAKGGKA
GSGRRGEDHPAVMRLKRYIRACGAHRNYKKLLGSCCSHKERLSILRAELEALGMKGTPSLGKCRALKEQREEAAEVASLDVANIISGSGRPRRRTAWNPLGEAAPPGELYRRTLDSDEERPRPAPPDWSHMRGIISSD
GESN

Digest Matches (Score: 53.75)
Score = 53.750000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = HIRP3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.356 1149.479 145795.000 2+ 195.914 53 53 31.174 240 - 248 EEEVEEEEK
MSMS 37 371.423 1482.667 6648.000 4+ 2.374 7 23 26.117 396 - 410 TRSSSSSSDGSPEAK
60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Bos taurus GN=HSPD1 PE=1 SV=2 CH60_BOVIN

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:49
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_2h_BA3_01_924.d\Probe48_2h_BA3_01_924.mgf

MLRLPAVLRQMRPVSRALALHLTRAYAKDVKFGADARALMLQGVDLLADAVAVTMGPKGRTVIIEQSWGSPRVTKDGVTVAKSIDLKDKYKNIGAKLVQDVANNTNEEAGDGTTTATVLARSIAKEGFEKISKGANPV
EIRRGVMLAVDAVIVELKKQSKPVTTPEEIAQVATISANGDKEIGNIISDAMKKVGRKGVITVKDGKTLNDELEIIEGMKFDRGYISPYFINTSKGQKCEFQDAYVLLSEKKISSVQSIVPALEIANAHRKPLVIIAE
DVDGEALSTLVLNRLKVGLQVVAVKAPGFGDNRKNQLKDMAIATGGAVFGEEGLNLNLEDVQPHDLGKVGEVIVTKDDAMLLKGKGDKAQIEKRIQEIIEQLDITTSEYEKEKLNERLAKLSDGVAVLKVGGTSDVEV
NEKKDRVTDALNATRAAVEEGIVLGGDCALLRCIPALESITPANEDQKTGIEIIKKTLKIPAMTIAKNAGVEGSLIVEKIMQSSSEVGYDAMLGDFVNMVEKGIIDPTKVVRTALLDAAGVASLLTTAEVVVTEIPKE
EKDPGMGGMGGMGGGMGGGMF

MW:61069.430
Digest Matches (Score: 52.78)
Score = 52.780000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = CH60_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 178 853.950 2560.249 40211.000 3+ -161.526 142 52 32.903 97 - 121 LVQDVANNTNEEAGDGTTTATVLAR
Tubulin alpha-1A chain OS=Cricetulus griseus GN=TUBA1A PE=2 SV=1 TBA1A_CRIGR
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 51.93)
Score = 51.930000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_CRIGR
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 182 508.241 1015.578 41541.000 2+ -101.807 578 51 33.006 327 - 336 DVNAAIATIK
TYROSINE-PROTEIN KINASE TXK OS=HOMO SAPIENS GN=TXK PE=1 SV=3
MILSSYNTIQSVFCCCCCCSVQKRQMRTQISLSTDEELPEKYTQRRRPWLSQLSNKKQSNTGRVQPSKRKPLPPLPPSEVAEEKIQVKALYDFLPREPCNLALRRAEEYLILEKYNPHWWKARDRLGNEGLIPSNYVT
ENKITNLEIYEWYHRNITRNQAEHLLRQESKEGAFIVRDSRHLGSYTISVFMGARRSTEAAIKHYQIKKNDSGQWYVAERHAFQSIPELIWYHQHNAAGLMTRLRYPVGLMGSCLPATAGFSYEKWEIDPSELAFIKE
IGSGQFGVVHLGEWRSHIQVAIKAINEGSMSEEDFIEEAKVMMKLSHSKLVQLYGVCIQRKPLYIVTEFMENGCLLNYLRENKGKLRKEMLLSVCQDICEGMEYLERNGYIHRDLAARNCLVSSTCIVKISDFGMTRY
VLDDEYVSSFGAKFPIKWSPPEVFLFNKYSSKSDVWSFGVLMWEVFTEGKMPFENKSNLQVVEAISEGFRLYRPHLAPMSIYEVMYSCWHEKPEGRPTFAELLRAVTEIAETW

Digest Matches (Score: 51.76)
Score = 51.760000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = TXK_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.356 1149.601 145795.000 2+ 89.881 72 51 31.174 170 - 179 EGAFIVRDSR
THROMBOSPONDIN TYPE-1 DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 7A OS=HOMO SAPIENS GN=THSD7A PE=1 SV=3
MGLQARRWASGSRGAAGPRRGVLQLLPLPLPLPLLLLLLLRPGAGRAAAQGEAEAPTLYLWKTGPWGRCMGDECGPGGIQTRAVWCAHVEGWTTLHTNCKQAERPNNQQNCFKVCDWHKELYDWRLGPWNRCQPVISK
SLEKPLECIKGEEGIQVREIACIQKDKDIPAEDIICEYFEPKPLLEQACLIPCQQDCIVSEFSAWSECSKTCGSGLQHRTRHVVAPPQFGGSGCPNLTEFQVCQSSPCEAEELRYSLHVGPWSTCSMPHSRQVRQARR
RGKNKEREKDRSKGVKDPEARELIKKKRNRNRQNRQENKYWDIQIGYQTREVMCINKTGKAADLSFCQQEKLPMTFQSCVITKECQVSEWSEWSPCSKTCHDMVSPAGTRVRTRTIRQFPIGSEKECPEFEEKEPCLS
QGDGVVPCATYGWRTTEWTECRVDPLLSQQDKRRGNQTALCGGGIQTREVYCVQANENLLSQLSTHKNKEASKPMDLKLCTGPIPNTTQLCHIPCPTECEVSPWSAWGPCTYENCNDQQGKKGFKLRKRRITNEPTGG
SGVTGNCPHLLEAIPCEEPACYDWKAVRLGDCEPDNGKECGPGTQVQEVVCINSDGEEVDRQLCRDAIFPIPVACDAPCPKDCVLSTWSTWSSCSHTCSGKTTEGKQIRARSILAYAGEEGGIRCPNSSALQEVRSCN
EHPCTVYHWQTGPWGQCIEDTSVSSFNTTTTWNGEASCSVGMQTRKVICVRVNVGQVGPKKCPESLRPETVRPCLLPCKKDCIVTPYSDWTSCPSSCKEGDSSIRKQSRHRVIIQLPANGGRDCTDPLYEEKACEAPQ
ACQSYRWKTHKWRRCQLVPWSVQQDSPGAQEGCGPGRQARAITCRKQDGGQAGIHECLQYAGPVPALTQACQIPCQDDCQLTSWSKFSSCNGDCGAVRTRKRTLVGKSKKKEKCKNSHLYPLIETQYCPCDKYNAQPV
GNWSDCILPEGKVEVLLGMKVQGDIKECGQGYRYQAMACYDQNGRLVETSRCNSHGYIEEACIIPCPSDCKLSEWSNWSRCSKSCGSGVKVRSKWLREKPYNGGRPCPKLDHVNQAQVYEVVPCHSDCNQYLWVTEPW
SICKVTFVNMRENCGEGVQTRKVRCMQNTADGPSEHVEDYLCDPEEMPLGSRVCKLPCPEDCVISEWGPWTQCVLPCNQSSFRQRSADPIRQPADEGRSCPNAVEKEPCNLNKNCYHYDYNVTDWSTCQLSEKAVCGN
GIKTRMLDCVRSDGKSVDLKYCEALGLEKNWQMNTSCMVECPVNCQLSDWSPWSECSQTCGLTGKMIRRRTVTQPFQGDGRPCPSLMDQSKPCPVKPCYRWQYGQWSPCQVQEAQCGEGTRTRNISCVVSDGSADDFS
KVVDEEFCADIELIIDGNKNMVLEESCSQPCPGDCYLKDWSSWSLCQLTCVNGEDLGFGGIQVRSRPVIIQELENQHLCPEQMLETKSCYDGQCYEYKWMASAWKGSSRTVWCQRSDGINVTGGCLVMSQPDADRSCN
PPCSQPHSYCSETKTCHCEEGYTEVMSSNSTLEQCTLIPVVVLPTMEDKRGDVKTSRAVHPTQPSSNPAGRGRTWFLQPFGPDGRLKTWVYGVAAGAFVLLIFIVSMIYLACKKPKKPQRRQNNRLKPLTLAYDGDAD
M

Digest Matches (Score: 49.76)
Score = 49.760000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = THS7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.356 1149.495 145795.000 2+ 181.988 52 49 31.174 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
Heat shock cognate 71 kDa protein OS=Homo sapiens GN=HSPA8 PE=1 SV=1 HSP7C_HUMAN
MSKGPAVGIDLGTTYSCVGVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQVAMNPTNTVFDAKRLIGRRFDDAVVQSDMKHWPFMVVNDAGRPKVQVEYKGETKSFYPEEVSSMVLTKMKEIAEAYLGKT
VTNAVVTVPAYFNDSQRQATKDAGTIAGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKVGAERNVLIFDLGGGTFDVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMVNHFIAEFKRKHKKDISENKRAVRRLRTACERAKRTLSS
STQASIEIDSLYEGIDFYTSITRARFEELNADLFRGTLDPVEKALRDAKLDKSQIHDIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELNKSINPDEAVAYGAAVQAAILSGDKSENVQDLLLLDVTPLSLGIETAGGVMTVLI
KRNTTIPTKQTQTFTTYSDNQPGVLIQVYEGERAMTKDNNLLGKFELTGIPPAPRGVPQIEVTFDIDANGILNVSAVDKSTGKENKITITNDKGRLSKEDIERMVQEAEKYKAEDEKQRDKVSSKNSLESYAFNMKAT
VEDEKLQGKINDEDKQKILDKCNEIINWLDKNQTAEKEEFEHQQKELEKVCNPIITKLYQSAGGMPGGMPGGFPGGGAPPSGGASSGPTIEEVD

MW:70854.220
Digest Matches (Score: 118.15)
Score = 118.150000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HSP7C_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 329 830.380 1659.895 316569.000 2+ -85.868 16907 118 38.200 172 - 187 IINEPTAAAIAYGLDK
HIRA-interacting protein 3 OS=Homo sapiens GN=HIRIP3 PE=1 SV=3 HIRP3_HUMAN
MAREKEMQEFTRSFFRGRPDLSTLTHSIVRRRYLAHSGRSHLEPEEKQALKRLVEEELLKMQVDEAASREDKLDLTKKGKRPPTPCSDPERKRFRFNSESESGSEASSPDYFGPPAKNGVAAEVSPAKEENPRRASKA
VEESSDEERQRDLPAQRGEESSEEEEKGYKGKTRKKPVVKKQAPGKASVSRKQAREESEESEAEPVQRTAKKVEGNKGTKSLKESEQESEEEILAQKKEQREEEVEEEEKEEDEEKGDWKPRTRSNGRRKSAREERSC
KQKSQAKRLLGDSDSEEEQKEAASSGDDSGRDREPPVQRKSEDRTQLKGGKRLSGSSEDEEDSGKGEPTAKGSRKMARLGSTSGEESDLEREVSDSEAGGGPQGERKNRSSKKSSRKGRTRSSSSSSDGSPEAKGGKA
GSGRRGEDHPAVMRLKRYIRACGAHRNYKKLLGSCCSHKERLSILRAELEALGMKGTPSLGKCRALKEQREEAAEVASLDVANIISGSGRPRRRTAWNPLGEAAPPGELYRRTLDSDEERPRPAPPDWSHMRGIISSD
GESN

MW:61919.950
Digest Matches (Score: 53.75)
Score = 53.750000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = HIRP3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.479 145795.000 2+ 203.228 53 53 31.200 240 - 248 EEEVEEEEK
MSMS 37 371.420 1482.667 6648.000 4+ -5.725 7 23 26.100 396 - 410 TRSSSSSSDGSPEAK
60 kDa heat shock protein, mitochondrial OS=Homo sapiens GN=HSPD1 PE=1 SV=2 CH60_HUMAN
MLRLPTVFRQMRPVSRVLAPHLTRAYAKDVKFGADARALMLQGVDLLADAVAVTMGPKGRTVIIEQSWGSPKVTKDGVTVAKSIDLKDKYKNIGAKLVQDVANNTNEEAGDGTTTATVLARSIAKEGFEKISKGANPV
EIRRGVMLAVDAVIAELKKQSKPVTTPEEIAQVATISANGDKEIGNIISDAMKKVGRKGVITVKDGKTLNDELEIIEGMKFDRGYISPYFINTSKGQKCEFQDAYVLLSEKKISSIQSIVPALEIANAHRKPLVIIAE
DVDGEALSTLVLNRLKVGLQVVAVKAPGFGDNRKNQLKDMAIATGGAVFGEEGLTLNLEDVQPHDLGKVGEVIVTKDDAMLLKGKGDKAQIEKRIQEIIEQLDVTTSEYEKEKLNERLAKLSDGVAVLKVGGTSDVEV
NEKKDRVTDALNATRAAVEEGIVLGGGCALLRCIPALDSLTPANEDQKIGIEIIKRTLKIPAMTIAKNAGVEGSLIVEKIMQSSSEVGYDAMAGDFVNMVEKGIIDPTKVVRTALLDAAGVASLLTTAEVVVTEIPKE
EKDPGMGAMGGMGGGMGGGMF

MW:61016.380
Digest Matches (Score: 52.78)
Score = 52.780000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CH60_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 178 853.950 2560.249 40211.000 3+ -161.409 142 52 32.900 97 - 121 LVQDVANNTNEEAGDGTTTATVLAR
Tubulin alpha-3C/D chain OS=Homo sapiens GN=TUBA3C PE=1 SV=3 TBA3C_HUMAN
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVVDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIVDLVLDRIRKLADLCTGLQGFLIF
HSFGGGTGSGFASLLMERLSVDYGKKSKLEFAIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCMLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDLAALEKDYEEVGVDSVEAEAEEGEEY

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:49
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_2h_BA3_01_924.d\Probe48_2h_BA3_01_924.mgf

MW:49927.600
Digest Matches (Score: 51.93)
Score = 51.930000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = TBA3C_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 182 508.240 1015.578 41541.000 2+ -103.975 578 51 33.000 327 - 336 DVNAAIATIK
MSMS 385 729.300 1457.869 41147.000 2+ -189.356 6 - 40.400 230 - 243 LIGQIVSSITASLR
TYROSINE-PROTEIN KINASE TXK OS=HOMO SAPIENS GN=TXK PE=1 SV=3 TXK_HUMAN
MILSSYNTIQSVFCCCCCCSVQKRQMRTQISLSTDEELPEKYTQRRRPWLSQLSNKKQSNTGRVQPSKRKPLPPLPPSEVAEEKIQVKALYDFLPREPCNLALRRAEEYLILEKYNPHWWKARDRLGNEGLIPSNYVT
ENKITNLEIYEWYHRNITRNQAEHLLRQESKEGAFIVRDSRHLGSYTISVFMGARRSTEAAIKHYQIKKNDSGQWYVAERHAFQSIPELIWYHQHNAAGLMTRLRYPVGLMGSCLPATAGFSYEKWEIDPSELAFIKE
IGSGQFGVVHLGEWRSHIQVAIKAINEGSMSEEDFIEEAKVMMKLSHSKLVQLYGVCIQRKPLYIVTEFMENGCLLNYLRENKGKLRKEMLLSVCQDICEGMEYLERNGYIHRDLAARNCLVSSTCIVKISDFGMTRY
VLDDEYVSSFGAKFPIKWSPPEVFLFNKYSSKSDVWSFGVLMWEVFTEGKMPFENKSNLQVVEAISEGFRLYRPHLAPMSIYEVMYSCWHEKPEGRPTFAELLRAVTEIAETW

Digest Matches (Score: 51.76)
Score = 51.760000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = TXK_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.601 145795.000 2+ 97.194 72 51 31.200 170 - 179 EGAFIVRDSR
THROMBOSPONDIN TYPE-1 DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 7A OS=HOMO SAPIENS GN=THSD7A PE=1 SV=4 THS7A_HUMAN
MGLQARRWASGSRGAAGPRRGVLQLLPLPLPLPLLLLLLLRPGAGRAAAQGEAEAPTLYLWKTGPWGRCMGDECGPGGIQTRAVWCAHVEGWTTLHTNCKQAERPNNQQNCFKVCDWHKELYDWRLGPWNQCQPVISK
SLEKPLECIKGEEGIQVREIACIQKDKDIPAEDIICEYFEPKPLLEQACLIPCQQDCIVSEFSAWSECSKTCGSGLQHRTRHVVAPPQFGGSGCPNLTEPQVCQSSPCEAEELRYSLHVGPWSTCSMPHSRQVRQARR
RGKNKEREKDRSKGVKDPEARELIKKKRNRNRQNRQENKYWDIQIGYQTREVMCINKTGKAADLSFCQQEKLPMTFQSCVITKECQVSEWSEWSPCSKTCHDMVSPAGTRVRTRTIRQFPIGSEKECPEFEEKEPCLS
QGDGVVPCATYGWRTTEWTECRVDPLLSQQDKRRGNQTALCGGGIQTREVYCVQANENLLSQLSTHKNKEASKPMDLKLCTGPIPNTTQLCHICPCTECEVSPWSAWGPCTYENCNDQQGKKGFKLRKRRITNEPTGG
SGVTGNCPHLLEAIPCEEPACYDWKAVRLGNCEPDNGKECGPGTQVQEVVCINSDGEEVDRQLCRDAIFPIPVACDAPCPKDCVLSTWSTWSSCSHTCSGKTTEGKQIRARSILAYAGEEGGIRCPNSSALQEVRSCN
EHPCTVYHWQTGPWGQCIEDTSVSSFNTTTTWNGEASCSVGMQTRKVICVRVNVGQVGPKKCPESLRPETVRPCLLPCKKDCIVTPYSDWTSCPSSCKEGDSSIRKQSRHRVIIQLPANGGRDCTDPLYEEKACEAPQ
ACQSYRWKTHKWRRCQLVPWSVQQDSPGAQEGCGPGRQARAITCRKQDGGQAGIHECLQYAGPVPALTQACQIPCQDDCQLTSWSKFSSCNGDCGAVRTRKRTLVGKSKKKEKCKNSHLYPLIETQYCPCDKYNAQPV
GNWSDCILPEGKVEVLLGMKVQGDIKECGQGYRYQAMACYDQNGRLVETSRCNSHGYIEEACIIPCPSDCKLSEWSNWSRCSKSCQSGVKVRSKWLREKPYNGGRPCPKLDHVNQAQVYEVVPCHSDCNQYLWVTEPW
SICKVTFVNMRENCGEGVQTRKVRCMQNTADGPSEHVEDYLCDPEEMPLGSRVCKLPCPEDCVISEWGPWTQCVLPCNQSSFRQRSADPIRQPADEGRSCPNAVEKEPCNLNKNCYHYDYNVTDWSTCQLSEKAVCGN
GIKTRMLDCVRSDGKSVDLKYCEALGLEKNWQMNTSCMVECPVNCQLSDWSPWSECSQTCGLTGKMIRRRTVTQPFQGDGRPCPSLMDQSKPCPVKPCYRWQYGQWSPCQVQEAQCGEGTRTRNISCVVSDGSADDFS
KVVDEEFCADIELIIDGNKNMVLEESCSQPCPGDCYLKDWSSWSLCQLTCVNGEDLGFGGIQVRSRPVIIQELENQHLCPEQMLETKSCYDGQCYEYKWMASAWKGSSRTVWCQRSDGINVTGGCLVMSQPDADRSCN
PPCSQPHSYCSETKTCHCEEGYTEVMSSNSTLEQCTLIPVVVLPTMEDKRGDVKTSRAVHPTQPSSNPAGRGRTWFLQPFGPDGRLKTWVYGVAAGAFVLLIFIVSMIYLACKKPKKPQRRQNNRLKPLTLAYDGDAD
M

Digest Matches (Score: 49.76)
Score = 49.760000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = THS7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.495 145795.000 2+ 189.302 52 49 31.200 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
Tumor protein D54 OS=Homo sapiens GN=TPD52L2 PE=1 SV=2 TPD54_HUMAN
MDSAGQDINLNSPNKGLLSDSMTDVPVDTGVAARTPAVEGLTEAEEEELRAELTKVEEEIVTLRQVLAAKERHCGELKRRLGLSTLGELKQNLSRSWHDVQVSSAYVKTSEKLGEWNEKVTQSDLYKKTQETLSQAGQ
KTSAALSTVGSAISRKLGDMRNSATFKSFEDRVGTIKSKVVGDRENGSDNLPSSAGSGDKPLSDPAPF

MW:22224.270
Digest Matches (Score: 43.91)
Score = 43.910000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = TPD54_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 157 515.870 1030.614 642218.000 2+ 115.047 521 43 32.200 81 - 90 LGLSTLGELK
Sterile alpha motif domain-containing protein 9-like OS=Homo sapiens GN=SAMD9L PE=1 SV=2 SAM9L_HUMAN
MSKQVSLPEMIKDWTKEHVKKWVNEDLKINEQYGQILLSEEVTGLVLQELTEKDLVEMGLPWGPALLIKRSYNKLNSKSPESDNHDPGQLDNSKPSKTEHQKNPKHTKKEEENSMSSNIDYDPREIRDIKQEESILMK
ENVLDEVANAKHKKKGKLKPEQLTCMPYPFDQFHDSHRYIEHYTLQPETGALNLIDPIHEFKALTNTETATEVDIKMKFSNEVFRFASACMNSRTNGTIHFGVKDKPHGEIVGVKITSKAAFIDHFNVMIKKYFEESE
INEAKKCIREPRFVEVLLQNNTPSDRFVIEVDTIPKHSICNDKYFYIQMQICKDKIWKQNQNLSLFVREGASSRDILANSKQRDVDFKAFLQNLKSLVASRKEAEEEYGMKAMKKESEGLKLVKLLIGNRDSLDNSYY
DWYILVTNKCHPNQIKHLDFLKEIKWFAVLEFDPESMINGVVKAYKESRVANLHFPNQYEDKTTNMWEKISTLNLYQQPSWIFCNGRSDLKSETYKPLEPHLWQRERASEVRKLILFLTDENIMTRGKFLVVFLLLSS
VESPGDPLIETFWAFYQALKGMENMLCISVNSHIYQRWKDLLQTRMKMEDELTNHSISTLNIELVNSTILKLKSVTRSSRRFLPARGSSSVILEKKKEDVLTALEILCENECTETDIEKDKSKFLEFKKSKEEHFYRG
GKVSWWNFYFSSENYSSDFVKRDSYEKLKDLIHCWAESPKPIFAKIINLYHHPGCGGTTLAMHVLWDLKKNFRCAVLKNKTTDFAEIAEQVINLVTYRAKSHQDYIPVLLLVDDFEEQENVYFLQNAIHSVLAEKDLR
YEKTLVIILNCMRSRNPDESAKLADSIALNYQLSSKEQRAFGAKLKEIEKQHKNCENFYSFMIMKSNFDETYIENVVRNILKGQDVDSKEAQLISFLALLSSYVTDSTISVSQCEIFLGIIYTSTPWEPESLEDKMGT
YSTLLIKTEVAEYGRYTGVRIIHPLIALYCLKELERSYHLDKCQIALNILEENLFYDSGIGRDKFQHDVQTLLLTRQRKVYGDETDTLFSPLMEALQNKDIEKVLSAGSRRFPQNAFICQALARHFYIKEKDFNTALD
WARQAKMKAPKNSYISDTLGQVYKSEIKWWLDGNKNCRSITVNDLTHLLEAAEKASRAFKESQRQTDSKNYETENWSPQKSQRRYDMYNTACFLGEIEVGLYTIQILQLTPFFHKENELSKKHMVQFLSGKWTIPPDP
RNECYLALSKFTSHLKNLQSDLKRCFDFFIDYMVLLKMRYTQKEIAEIMLSKKVSRCFRKYTELFCHLDPCLLQSKESQLLQEENCRKKLEALRADRFAGLLEYLNPNYKDATTMESIVNEYAFLLQQNSKKPMTNEK
QNSILANIILSCLKPNSKLIQPLTTLKKQLREVLQFVGLSHQYPGPYFLACLLFWPENQELDQDSKLIEKYVSSLNRSFRGQYKRMCRSKQASTLFYLGKRKGLNSIVHKAKIEQYFDKAQNTNSLWHSGDVWKKNEV
KDLLRRLTGQAEGKLISVEYGTEEKIKIPVISVYSGPLRSGRNIERVSFYLGFSIEGPLAYDIEVI

MW:184415.390
Digest Matches (Score: 43.78)
Score = 43.780000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = SAM9L_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 89 581.410 1161.655 214819.000 2+ 136.133 46 43 29.400 1286 - 1295 EIAEIMLSKK
6-PHOSPHOFRUCTOKINASE, LIVER TYPE OS=HOMO SAPIENS GN=PFKL PE=1 SV=6 K6PL_HUMAN
MAAVDLEKLRASGAGKAIGVLTSGGDAQGMNAAVRAVTRMGIYVGAKVFLIYEGYEGLVEGGENIKQANWLSVSNIIQLGGTIIGSARCKAFTTREGRRAAAYNLVQHGITNLCVIGGDGSLTGANIFRSEWGSLLEE
LVAEGKISETTARTYSHLNIAGLVGSIDNDFCGTDMTIGTDSALHRIMEVIDAITTTAQSHQRTFVLEVMGRHCGYLALVSALASGADWLFIPEAPPEDGWENFMCERLGETRSRGSRLNIIIIAEGAIDRNGKPISS
SYVKDLVVQRLGFDTRVTVLGHVQRGGTPSAFDRILSSKMGMEAVMALLEATPDTPACVVTLSGNQSVRLPLMECVQMTKEVQKAMDDKRFDEATQLRGGSFENNWNIYKLLAHQKPPKEKSNFSLAILNVGAPAAGM
NAAVRSAVRTQISHGHTVYVVVHDGFEGLAKGQVQEVGWHDVAGWLGRGGSMLGTKRTLPKGQLESIVENIRIYGIHALLVVGGFEAYEGVLQLVEARGRYEELCIVMCVIPATISNNVPGTDFSLGSDTAVNAAMESC
DRIKQSASGTKRRVFIVETMGGYCGYLATVTGIAVGADAAYVFEDPFNIHDLKVNVEHMTEKMKTDIQRGLVLRNEKCHDIYYTEFLYNLYSSEGKGVFDCRTNVLGHLQQGGAPTPFDRNYGTKLGVKAMLWLSEKL
REVYRKGRVFANAPDSACVIGLKKKAVAFSPVTELKKDTDFEHRMPREQWWLSLRLMLKMLAQYRISMAAYVSGELEHVTRRTLSMDKGF

Digest Matches (Score: 42.08)
Score = 42.080000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = K6PL_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 89 581.410 1161.651 214819.000 2+ 139.000 524 42 29.400 716 - 726 AVAFSPVTELK
Glycosyltransferase-like protein LARGE1 OS=Homo sapiens GN=LARGE PE=1 SV=1 LARGE_HUMAN
MLGICRGRRKFLAASLSLLCIPAITWIYIFSGSFDGKPVSLSPLESQAHSPRYTASSQRERESLEVSMMEVEEENRALRRQLSLAQGRAPSHRRGNHSKTYSMEEGTGDSENLRAGIVAGNSSECGQQPVVEKCETI
HVAIVCAGYNASRDVVTLVKSVLFHRRNPLHFHLIADSIAEQILATLFQTWMVPAVRVDFYNADELKSEVSWIPNKHYSGIYGLMKLVLTKTLPANLERVIVLDTDITFATDIAELWAVFHKFKGQQVLGLVENQSDW
YLGNLWKNHRPWPALGRGYNTGVILLLLDKLRKMKWEQMWRLTAERELMGMLSTSLADQDIFNAVIKQNPFLVYQLPCFWNVQLSDHTRSEQCYRDVSDLKVIHWNSPKKLRVKNKHVEFFRNLYLTFLEYDGNLLRR
ELFGCPSEADVNSENLQKQLSELDEDDLCYEFRRERFTVHRTHLYFLHYEYEPAADSTDVTLVAQLSMDRLQMLEAICKHWEGPISLALYLSDAEAQQFLRYAQGSEVLMSRHNVGYHIVYKEGQFYPVNLLRNVAMK
HISTPYMFLSDIDFLPMYGLYEYLRKSVIQLDLANTKKAMIVPAFETLRYRLSFPKSKAELLSMLDMGTLFTFRYHVWTKGHAPTNFAKWRTATTPYRVEWEADFEPYVVVRRDCPEYDRRFVGFGWNKVAHIMELDV
QEYEFIVLPNAYMIHMPHAPSFDITKFRSNKQYRICLKTLKEEFQQDMSRRYGFAALKYLTAENNS

MW:88009.660
Digest Matches (Score: 41.78)
Score = 41.780000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = LARGE_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 298 514.780 1028.596 81149.000 2+ -42.046 29 10 36.800 81 - 89 RQLSLAQGR
MSMS 50 604.100 1207.537 18103.000 2+ -285.458 51 41 27.200 69 - 77 MREVEEENR 1: Oxidation (M)
EXOCYST COMPLEX COMPONENT 8 OS=HOMO SAPIENS GN=EXOC8 PE=1 SV=2 EXOC8_HUMAN
MAMAMSDSGASRLRRQLESGGFEARLYVKQLSQQSDGDRDLQEHRQRIQALAEETAQNLKRNVYQNYRQFIETAREISYLESEMYQLSHLLTEQKSSLESIPLTLLPAAAAAGAAAASGGEEGVGGAGGRDHLRGQAG
FFSTPGGASRDGSGPGEEGKQRTLTTLLEKVEGCRHLLETPGQYLVYNGDLVEYDADHMAQLQRVHGFLMNDCLLVATWLPQRRGMYRYNALYSLDGLAVVNVKDNPPMKDMFKLLMFPESRIFQAENAKIKREWLEV
LEDTKRALSEKRRREQEEAAAPRGPPQVTSKATNPFEDDEEEEPAVPEVEEEKVDLSMEWIQELPEDLDVCIAQRDFEGAVDLLDKLNHYLEDKPSPPPVKELRAKVEERVRQLTEVLVFELSPDRSLRGGPKATRRA

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:49
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_2h_BA3_01_924.d\Probe48_2h_BA3_01_924.mgf

VSQLIRLGQCTKACELFLRNRAAAVHTAIRQLRIEGATLLYIHKLCHVFFTSLLETAREFEIDFAGTDSGCYSAFVVWARSAMGMFVDAFSKQVFDSKESLSTAAECVKVAKEHCQQLGDIGLDLTFIIHALLVKDIQ
GALHSYKEIIIEATKHRNSEEMWRRMNLMTPEALGKLKEEMKSCGVSNFEQYTGDDCWVNLSYTVVAFTKQTMGFLEEALKLYFPELHMVLLESLVEIILVAVQHVDYSLRCEQDPEKKAFIRQNASFLYETVLPVVE
KRFEEGVGKPAKQLQDLRNASRLIRVNPESTTSVV

Digest Matches (Score: 41.72)
Score = 41.720000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = EXOC8_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 89 581.410 1161.663 214819.000 2+ 129.348 34 41 29.400 261 - 270 IFQAENAKIK
Leucine-rich repeat-containing protein 36 OS=Homo sapiens GN=LRRC36 PE=2 SV=2 LRC36_HUMAN
MAEQWELDEEGIRRLGALTLEQPELVESLSLQGSYAGKIHSIGDAFRNFKNLRSLDLSRNLITSLKGIQYLCSLQDLNLYYNNIPSLVEVSRLQPLPFLKELDLRLNPVVRKDTDYRLFAVYTLQTLEKLDDRTVREG
ERKAAKLHFSQLGNSENFLLEVEKSSREKTMKNCVTGESSASKVSANVDSRIEMDSNKGLFIPFPNREIKDSLSTSATQGNGTRDQKLDTFPLGTQTQEVARREMPSDNHQEDEFRHYSPRQSTVRSPEKMTREGYQV
SFLDNKSSGSSPEKELIPKPDTFHLTHDASLSKCLDVGDSSQIHPYQLPSDVGLENYDSCYSQTLSLHGSLGKRPQRSKNYQEYSIKPSNDIKTTASHSCGDLLTSLSNPDSSTGRLLKLSSDLYATTHFNSDPAVLV
NVEQQLSTSLDDLTPAHGSVPNNAVLGNRTTPLRTLLLLSPGTSEHRKIFTKRSLSPSKRGFKWKDNILANLNLKHGFQDATGSEPLSSDLGSLHGLAGNHSPPISARTPHVATVLRQLLELVDKHWNGSGSLLLNKKF
LGPARDLLLSLVVPAPSQPRCCSHPEDTMKAFCRRELELKEAAQLVPNDMESLKQKLVRVLEENLILSEKIQQLEEGAAISIVSGQQSHTYDDLLHKNQQLTMQVACLNQELAQLKKLEKTVAILHESQRSLVVTNEY
LLQQLNKEPKGYSGKALLPPEKGHHLGRSSPFGKSTLSSSSPVAHETGQYLIQSVLDAAPEPGL

MW:83771.000
Digest Matches (Score: 41.54)
Score = 41.540000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = LRC36_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 295 772.880 1544.762 289532.000 2+ -6.300 83 41 36.700 593 - 606 EAAQLVPNDMESLK
CHOLINE-PHOSPHATE CYTIDYLYLTRANSFERASE B OS=HOMO SAPIENS GN=PCYT1B PE=1 SV=1 PCY1B_HUMAN
MPVVTTDAESETGIPKSLSNEPPSETMEEIEHTCPQPRLTLTAPAPFADETNCQCQAPHEKLTIAQARLGTPADRPVRVYADGIFDLFHSGHARALMQAKTLFPNSYLLVGVCSDDLTHKFKGFTVMNEAERYEALRH
CRYVDEVIRDAPWTLTPEFLEKHKIDFVAHDDIPYSSAGSDDVYKHIKEAGMFVPTQRTEGISTSDIITRIVRDYDVYARRNLQRGYTAKELNVSFINEKRYRFQNQVDKMKEKVKNVEERSKEFVNRVEEKSHDLIQ
KWEEKSREFIGNFLELFGPDGAWKQMFQERSSRMLQALSPKQSPVSSPTRSRSPSRSPSPTFSWLPLKTSPPSSPKAASASISSMSEGDEDEK

Digest Matches (Score: 41.50)
Score = 41.500000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = PCY1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.590 145795.000 2+ 106.987 46 41 31.200 262 - 270 EFVNRVEEK
TBC1 DOMAIN FAMILY MEMBER 14 OS=HOMO SAPIENS GN=TBC1D14 PE=1 SV=3 TBC14_HUMAN
MTDGKLSTSTNGVAFMGILDGRPGNPLQNLQHVNLKAPRLLSAPEYGPKLKLRALEDRHSLQSVDSGIPTLEIGNPEPVPCSAVHVRRKQSDSDLIPERAFQSACALPSCAPPAPSSTEREQSVRKSSTFPRTGYDSV
KLYSPTSKALTRSDDVSVCSVSSLGTELSTTLSVSNEDILDLVVTSSSSAIVTLENDDDPQFTNVTLSSIKETRGLHQQDCVHEAEEGSKLKILGPFSNFFARNLLARKQSARLDKHNDLGWKLFGKAPLRENAQKDS
KRIQKEYEDKAGRPSKPPSPKQNVRKNLDFEPLSTTALILEDRPANLPAKPAEEAQKHRQQYEEMVVQAKKRELKEAQRRKKQLEERCRVEESIGNAVLTWNNEILPNWETMWCSRKVRDLWWQGIPPSVRGKVWSLA
IGNELNITHELFDICLARAKERWRSLSTGGSEVENEDAGFSAADREASLELIKLDISRTFPNLCIFQQGGPYHDMLHSILGATYCYRPDVGYVQGMSFIAAVLILNLDTADAFIAFSNLLNKPCQMAFFRVDHGLMLT
YFAAFEVFFEENLPKLFAHFKKNNLTPDIYLIDWIFTLYSKSLPLDLACRIWDVFCRDGEEFLFRTALGILKLFEDILTKMDFIHMAQFLTRLPEDLPAEELFASIATIQMQSRNKKWAQVLTALQKDSREMEKGSPS
LRH

Digest Matches (Score: 41.02)
Score = 41.020000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = TBC14_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.557 145795.000 2+ 135.739 73 41 31.200 683 - 692 EMEKGSPSLR 2: Oxidation (M)
MSMS 160 409.280 1225.632 37947.000 3+ 157.652 36 10 32.200 252 - 261 LDKHNDLGWK
Obscurin-like protein 1 OS=Homo sapiens GN=OBSL1 PE=1 SV=4 OBSL1_HUMAN
MKASSGDQGSPPCFLRFPRPVRVVSGAEAELKCVVLGEPPPVVVWEKGGQQLAASERLSFPADGAEHGLLLTAALPTDAGVYVCRARNAAGEAYAAAAVTVLEPPASDPELQPAERPLPSPGSGEGAPVFLTGPRSQW
VLRGAEVVLTCRAGGLPEPTLYWEKDGMALDEVWDSSHFALQPGRAEDGPGASLALRILAARLPDSGVYVCHARNAHGHAQAGALLQVHQPPESPPADPDEAPAPVVEPLKCAPKTFWVNEGKHAKFRCYVMGKPEPE
IEWHWEGRPLLPDRRRLMYRDRDGGFVLKVLYCQAKDRGLYVCAARNSAGQTLSAVQLHVKEPRLRFTRPLQDVEGREHGIAVLECKVPNSRIPTAWFREDQRLLPCRKYEQIEEGTVRRLIIHRLKADDDGIYLCEM
RGRVRTVANVTVKGPILKRLPRKLDVLEGENAVLLVETLEAGVEGRWSRDGEELPVICQSSSGHMHALVLPGVTREDAGEVTFSLGNSRTTTLLRVKCVKHSPPGPPILAEMFKGHKNTVLLTWKPPEPAPETPFIYR
LERQEVGSEDWIQCFSIEKAGAVEVPGDCVPSEGDYRFRICTVSGHGRSPHVVFHGSAHLVPTARLVAGLEDVQVVDGEDAVFSLDLSTIIQGTWFLNGEELKSNEPEGQVEPGALRYRIEQKGLQHRLILHAVKHQD
SGALVGFSCPGVQDSAALTIQESPVHILSPQDRVSLTFTTSERVVLTCELSRVDFPATWYKDGQKVEESELLVVKMDGRKHRLILPEAKVQDSGEFECRTEGVSAFFGVTVQDPPVHIVDPREHVFVHAITSECVMLA
CEVDREDAPVRWYKDGQEVEESDFVVLENEGPHRRLVLPATQPSDGGEFQCVAGDECAYFTVTITDVSSWIVYPSGKVYVAAVRLERVVLTCELCRPWAEVRWTKDGEEVVESPALLLQREDTVRRLVLPAVQLEDSG
EYLCEIDDESASFTVTVTEPPVRIIYPRDEVTLIAVTLECVVLMCELSREDAPVRWYKDGLEVEESEALVLERDGPRCRLVLPAAQPEDGGEFVCDAGDDSAFFTVTVTAPPERIVHPAARSLDLHFGAPGRVELRCE
VAPAGSQVRWYKDGLEVEASDALQLGAEGPTRTLTLPHAQPEDAGEYVCETRHEAITFNVILAEPPVQFLALETTPSPLCVAPGEPVVLSCELSRAGAPVVWSHNGRPVQEGEGLELHAEGPRRVLCIQAAGPAHAGL
YTCQSGAAPGAPSLSFTVQVAEPPVRVVAPEAAQTRVRSTPGGDLELVVHLSGPGGPVRWYKDGERLASQGRVQLEQAGARQVLRVQGARSGDAGEYLCDAPQDSRIFLVSVEEPLLVKLVSELTPLTVHEGDDATFR
CEVSPPDADVTWLRNGAVVTPGPQVEMAQNGSSRILTLRGCQLGDAGTVTLRAGSTATSARLHVRETELLFLRRLQDVRAEEGQDVCLEVETGRVGAAGAVRWVRGGQPLPHDSRLSMAQDGHIHRLFIHGVILADQG
TYGCESHHDRTLARLSVRPRQLRVLRPLEDVTISEGGSATFQLELSQEGVTGEWARGGVQLYPGPKCHIHSDGHRHRLVLNGLGLADSGCVSFTADSLRCAARLIVREVPVTIVRGPHDLEVTEGDTATFECELSQAL
ADVTWEKDGNALTPSPRLRLQALGTRRLLQLRRCGPSDAGTYSCAVGTARAGPVRLTVRERTVAVLSELRSVSAREGDGATFECTVSEVETTGRWELGGRPLRPGARVRIRQEGKKHILVLSELRAEDAGEVRFQAGP
AQSLALLEVEALPLQMCRHPPREKTVLVGRRAVLEVTVSRSGGHVCWLREGAELCPGDKYEMRSHGPTHSLVIHDVRPEDQGTYCCQAGQDSTHTRLLVEGN

MW:206817.250
Digest Matches (Score: 40.05)
Score = 40.050000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = OBSL1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 201 700.280 700.410 66949.000 1+ -185.940 11 4 33.600 1475 - 1482 VGAAGAVR
MSMS 194 557.760 1670.864 56476.000 3+ 240.256 67 40 33.400 1099 - 1113 VELRCEVAPAGSQVR 5: Carbamidomethyl (C)
COILED-COIL DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 114 OS=HOMO SAPIENS GN=CCDC114 PE=2 SV=3 CC114_HUMAN
MEGERRAYSKEVHQRINKQLEEIRRLEEVRGDLQVQISAAQNQVKRLRDSQRLENMDRLLKGRAQVQAEIEELQEQTRALDKQIQEWETRIFTHSKNVRSPGFILDQKVKIRRRIRILENQLDRVTCHFDNQLVRNAA
LREELDLLRIDRNRYLNVDRKLKKEIHHLHHLVSTLILSSTSAYAVREEAKAKMGLLRERAEKEEAQSEMEAQVLQRQILHLEQLHHFLKLKNNDRQPDPDVLEKREKQAGEVAEGVWKTSQERLVLCYEDALNKLSQ
LMGESDPDLLVQKYLEIEERNFAEFNFINEQNLELEHVQEEIKEMQEALVSARASKDDQHLLQEQQQKVLQQRMDKVHSEAERLEARFQDVRGQLEKLKADIQLLFTKAHCDSSMIDDLLGVKTSMGDRDMGLFLSLI
EKRLVELLTVQAFLHAQSFTSLADAALLVLGQSLEDLPKKMAPLQPPDTLEDPPGFEASDDYPMSREELLSQVEKLVELQEQAEAQRQKDLAAAAAKLDGTLSVDLASTQRAGSSTVLVPTRHPHAIPGSILSHKTSR
DRGSLGHVTFGGLSSSTGHLPSHITHGDPNTGHVTFGSTSASSGGHVTFRPVSASSYLGSTGYVGSSRGGENTEGGVESGGTASDSSGGLGSSRDHVSSTGPASSTGPGSSTSKDSRG

Digest Matches (Score: 39.93)
Score = 39.930000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = CC114_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.557 145795.000 2+ 135.739 55 39 31.200 320 - 329 EMQEALVSAR 2: Oxidation (M)
MSMS 49 399.570 1196.627 10130.000 3+ 57.277 18 15 27.200 235 - 244 QPDPDVLEKR
SORTING NEXIN-6 OS=HOMO SAPIENS GN=SNX6 PE=1 SV=1 SNX6_HUMAN
MMEGLDDGPDFLSEEDRGLKAINVDLQSDAALQVDISDALSERDKVKFTVHTKSSLPNFKQNEFSVVRQHEEFIWLHDSFVENEDYAGYIIPPAPPRPDFDASREKLQKLGEGEGSMTKEEFTKMKQELEAEYLAIFK
KTVAMHEVFLCRVAAHPILRRDLNFHVFLEYNQDLSVRGKNKKEKLEDFFKNMVKSADGVIVSGVKDVDDFFEHERTFLLEYHNRVKDASAKSDRMTRSHKSAADDYNRIGSSLYALGTQDSTDICKFFLKVSELFDK
TRKIEARVSADEDLKLSDLLKYYLRESQAAKDLLYRRSRSLVDYENANKALDKARAKNKDVLQAETSQQLCCQKFEKISESAKQELIDFKTRRVAAFRKNLVELAELELKHAKGNLQLLQNCLAVLNGDT

Digest Matches (Score: 39.46)
Score = 39.460000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = SNX6_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.626 145795.000 2+ 75.299 49 39 31.200 360 - 368 QELIDFKTR
MITOTIC SPINDLE ASSEMBLY CHECKPOINT PROTEIN MAD1 OS=HOMO SAPIENS GN=MAD1L1 PE=1 SV=2 MD1L1_HUMAN
MEDLGENTMVLSTLRSLNNFISQRVEGGSGLDISTSAPGSLQMQYQQSMQLEERAEQIRSKSHLIQVEREKMQMELSHKRARVELERAASTSARNYEREVDRNQELLTRIRQLQEREAGAEEKMQEQLERNRQCQQNL
DAASKRLREKEDSLAQAGETINALKGRISELQWSVMDQEMRVKRLESEKQELQEQLDLQHKKCQEANQKIQELQASQEARADHEQQIKDLEQKLSLQEQDAAIVKNMKSELVRLPRLERELKQLREESAHLREMRETN
GLLQEELEGLQRKLGRQEKMQETLVGLELENERLLAKLQSWERLDQTMGLSIRTPEDLSRFVVELQQRELALKDKNSAVTSSARGLEKARQQLQEELRQVSGQLLEERKKRETHEALARRLQKRVLLLTKERDGMRAI
LGSYDSELTPAEYSPQLTRRMREAEDMVQKVHSHSAEMEAQLSQALEELGGQKQRADMLEMELKMLKSQSSSAEQSFLFSREEADTLRLKVEELEGERSRLEEEKRMLEAQLERRALQGDYDQSRTKVLHMSLNPTSV
ARQRLREDHSQLQAECERLRGLLRAMERGGTVPADLEAAAASLPSSKEVAELKKQVESAELKNQRLKEVFQTKIQEFRKACYTLTGYQIDITTENQYRLTSLYAEHPGDCLIFKATSPSGSKMQLLETEFSHTVGELI
EVHLRRQDSIPAFLSSLTLELFSRQTVA

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:49
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_2h_BA3_01_924.d\Probe48_2h_BA3_01_924.mgf

Digest Matches (Score: 39.40)
Score = 39.400000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = MD1L1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 68 733.550 733.336 29718.000 1+ 291.891 76 20 28.400 117 - 123 EAGAEEK
MSMS 89 581.410 1161.604 214819.000 2+ 179.472 82 39 29.400 521 - 529 MLEAQLERR 1: Oxidation (M)
Ral guanine nucleotide dissociation stimulator-like 1 OS=Homo sapiens GN=RGL1 PE=1 SV=1 RGL1_HUMAN
MKLLWQAKMSSIQDWGEEVEEGAVYHVTLKRVQIQQAANKGARWLGVEGDQLPPGHTVSQYETCKIRTIKAGTLEKLVENLLTAFGDNDFTYISIFLSTYRGFASTKEVLELLLDRYGNLTSPNCEEDGSQSSSESKM
VIRNAIASILRAWLDQCAEDFREPPHFPCLQKLLDYLTRMMPGSDPERRAQNLLEQFQKQEVETDNGLPNTISFSLEEEEELEGGESAEFTCFSEDLVAEQLTYMDAQLFKKVVPHHCLGCIWSRRDKKENKHLAPTI
RATISQFNTLTKCVVSTILGGKELKTQQRAKIIEKWINIAHECRLLKNFSSLRAIVSALQSNSIYRLKKTWAAVPRDRMLMFEELSDIFSDHNNHLTSRELLMKEGTSKFANLDSSVKENQKRTQRRLQLQKDMGVMQ
GTVPYLGTFLTDLTMLDTALQDYIEGGLINFEKRRREFEVIAQIKLLQSACNSYCMTPDQKFIQWFQRQQLLTEEESYALSCEIEAAADASTTSPKPRKSMVKRLSLLFLGSDMITSPTPTKEQPKSTASGSSGESMD
SVSVSSCESNHSEAEEGSITPMDTPDEPQKKLSESSSSCSSIHSMDTNSSGMSSLINPLSSPPSCNNNPKIHKRSVSVTSITSTVLPPVYNQQNEDTCIIRISVEDNNGNMYKSIMLTSQDKTPAVIQRAMLKHNLDS
DPAEEYELVQVISEDKELVIPDSANVFYAMNSQVNFDFILRKKNSMEEQVKLRSRTSLTLPRTAKRGCWSNRHSKITL

MW:86646.270
Digest Matches (Score: 39.11)
Score = 39.110000, Rank = 19, Database = SwissProt, Accesskey = RGL1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 56 526.140 1051.418 24431.000 2+ -138.591 34 39 27.500 178 - 186 MMPGSDPER 1: Oxidation (M) 2: Oxidation (M)
SNW DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 1 OS=HOMO SAPIENS GN=SNW1 PE=1 SV=1 SNW1_HUMAN
MALTSFLPAPTQLSQDQLEAEEKARSQRSRQTSLVSSRREPPPYGYRKGWIPRLLEDFGDGGAFPEIHVAQYPLDMGRKKKMSNALAIQVDSEGKIKYDAIARQGQSKDKVIYSKYTDLVPKEVMNADDPDLQRPDEE
AIKEITEKTRVALEKSVSQKVAAAMPVRAADKLAPAQYIRYTPSQQGVAFNSGAKQRVIRMVEMQKDPMEPPRFKINKKIPRGPPSPPAPVMHSPSRKMTVKEQQEWKIPPCISNWKNAKGYTIPLDKRLAADGRGLQ
TVHINENFAKLAEALYIADRKAREAVEMRAQVERKMAQKEKEKHEEKLREMAQKARERRAGIKTHVEKEDGEARERDEIRHDRRKERQHDRNLSRAAPDKRSKLQRNENRDISEVIALGVPNPRTSNEVQYDQRLFNQ
SKGMDSGFAGGEDEIYNVYDQAWRGGKDMAQSIYRPSKNLDKDMYGDDLEARIKTNRFVPDKEFSGSDRRQRGREGPVQFEEDPFGLDKFLEEAKQHGGSKRPSDSSRPKEHEHEGKKRRKE

Digest Matches (Score: 38.42)
Score = 38.420000, Rank = 20, Database = SwissProt, Accesskey = SNW1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 132 575.360 1149.612 145795.000 2+ 87.828 261 38 31.200 196 - 204 VIRMVEMQK 4: Oxidation (M)

Abbildung 8-9: Mascot-Report Kontroll-Eluat (Leervektor) 2.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:52
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_ON_BB1_01_930.d\Probe48_ON_BB1_01_930.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:
Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008 MH+ (mono): 1.008
MH+ (avg): 1.008 Tolerance (Da): 0.500 Number of Peaks: 0
Above Threshold: 0 Assigned Peaks: 0

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Trypsin OS=Sus scrofa PE=1 SV=1 TRYP_PIG
FPTDDDDKIVGGYTCAANSIPYQVSLNSGSHFCGGSLINSQWVVSAAHCYKSRIQVRLGEHNIDVLEGNEQFINAAKIITHPNFNGNTLDNDIMLIKLSSPATLNSRVATVSLPRSCAAAGTECLISGWGNTKSSGSS
YPSLLQCLKAPVLSDSSCKSSYPGQITGNMICVGFLEGGKDSCQGDSGGPVVCNGQLQGIVSWGYGCAQKNKPGVYTKVCNYVNWIQQTIAAN

MW:24393.810
Digest Matches (Score: 131.36)
Score = 131.360000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = TRYP_PIG
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 66 523.318 1045.564 357940.000 2+ 62.895 514 40 29.260 98 - 107 LSSPATLNSR
MSMS 365 884.905 1768.799 38279.000 2+ 1.502 69 9 39.875 116 - 133 SCAAAGTECLISGWGNTK
MSMS 257 1105.852 2211.104 213454.000 2+ -184.371 66573 131 36.277 58 - 77 LGEHNIDVLEGNEQFINAAK
MSMS 314 767.076 2299.175 68105.000 3+ 16.044 265 40 38.339 78 - 97 IITHPNFNGNTLDNDIMLIK 17: Oxidation (M)

Heat shock-related 70 kDa protein 2 OS=Homo sapiens GN=HSPA2 PE=1 SV=1 HSP72_HUMAN
MSARGPAIGIDLGTTYSCVGVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQVAMNPTNTIFDAKRLIGRKFEDATVQSDMKHWPFRVVSEGGKPKVQVEYKGETKTFFPEEISSMVLTKMKEIAEAYLGG
KVHSAVITVPAYFNDSQRQATKDAGTITGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKGCAGGEKNVLIFDLGGGTFDVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMVSHLAEEFKRKHKKDIGPNKRAVRRLRTACERAKRT
LSSSTQASIEIDSLYEGVDFYTSITRARFEELNADLFRGTLEPVEKALRDAKLDKGQIQEIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELNKSINPDEAVAYGAAVQAAILIGDKSENVQDLLLLDVTPLSLGIETAGGVMT
PLIKRNTTIPTKQTQTFTTYSDNQSSVLVQVYEGERAMTKDNNLLGKFDLTGIPPAPRGVPQIEVTFDIDANGILNVTAADKSTGKENKITITNDKGRLSKDDIDRMVQEAERYKSEDEANRDRVAAKNALESYTYNI
KQTVEDEKLRGKISEQDKNKILDKCQEVINWLDRNQMAEKDEYEHKQKELERVCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD

MW:69977.870
Digest Matches (Score: 127.06)
Score = 127.060000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = HSP72_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 310 830.428 1659.895 234236.000 2+ -28.601 17418 127 38.193 173 - 188 IINEPTAAAIAYGLDK
MSMS 375 1077.613 3231.522 457769.000 3+ -216.392 29 17 40.202 605 - 639 VCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD 2: Carbamidomethyl (C)

ANIONIC TRYPSIN-1 OS=RATTUS NORVEGICUS GN=PRSS1 PE=1 SV=1
MSALLILALVGAAVAFPLEDDDKIVGGYTCPEHSVPYQVSLNSGYHFCGGSLINDQWVVSAAHCYKSRIQVRLGEHNINVLEGDEQFINAAKIIKHPNYSSWTLNNDIMLIKLSSPVKLNARVAPVALPSACAPAGTQ
CLISGWGNTLSNGVNNPDLLQCVDAPVLSQADCEAAYPGEITSSMICVGFLEGGKDSCQGDSGGPVVCNGQLQGIVSWGYGCALPDNPGVYTKVCNFVGWIQDTIAAN

Digest Matches (Score: 112.46)
Score = 112.460000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = TRY1_RAT
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 1105.852 2211.104 213454.000 2+ -184.371 1162 112 36.277 73 - 92 LGEHNINVLEGDEQFINAAK

Tubulin alpha-1A chain OS=Cricetulus griseus GN=TUBA1A PE=2 SV=1 TBA1A_CRIGR
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 89.84)
Score = 89.840000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_CRIGR
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 404 851.376 1701.906 27555.000 2+ -95.165 139 89 41.294 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR

Neurofilament medium polypeptide OS=Bos taurus GN=NEFM PE=1 SV=3 NFM_BOVIN
MSYTLDSLGNPSAYRRVTETRSSFSRISGSPSSGFRSQSWSRGSPSTVSSSYKRSALAPRLTYSSAMLSSAESSLDFSQSSSLLDGGSGPGGDYKLSRSNEKEQIQGLNDRFAGYIEKVHYLEQQNKEIEAEIQALRQ
KQASHAQLGDAYDQEIRELRATLEMVNHEKAQVQLDSDHLEEDIHRLKERFEEEARLRDDTEAAIRALRKDIEESSLVKVELDKKVQSLQDEVAFLRSNHEEEVADLLAQIQASHITVERKDYLKTDISTALKEIRSQ
LESHSDQNMHQAEEWFKCRYAKLTEAAEQNKEAIRSAKEEIAEYRRQLQSKSIELESVRGTKESLERQLSDIEERHNHDLSSYQDTIQQLENELRGTKWEMARHLREYQDLLNVKMALDIEIAAYRKLLEGEETRFST
FAGSITGPLYTHRQPSIAISSKIQKTKVEAPKLKVQHKFVEEIIETKVEDEKSEMEEALTAITEELAVSVKEEVKEEEAEEKEEKEEAEEEVVAAKKSPVKATAPELKEEEGEKEEEQQEEEEEEEEAAKSDQAEE
GGSEKEGSSEKEEEGEQEEEGETEAEGEGEEAAAEAKEEKKMEEKAEEVAPKEELAAEAKVEKPEKAKSPVAKSPTTKSPTAKSPEAKSPEAKSPTAKSPTAKSPVAKSPTAKSPEAKSPEAKSPTAKSPTAKSPAAKS
PAPKSPVEEVKPKAEAGAEKGEQKEKVEEEKKEAKESPKEEKAEKKEEKPKDVPEKKKAESPVKAESPVKEEVPAKPVKVSPEKEAKEEEKPQEKEKEKEKVEEVGGKEEGGLKESRKEDIAINGEVEGKEEEQETKE
KGSGGEEEKGVVTNGLDVSPGDEKKGGDKSEEKVVVTKMVEKITSEGGDGATKYITKSVTVTQKVEEHEETFEEKLVSTKKVEKVTSHAIVKEVTQSD

MW:103147.840
Digest Matches (Score: 63.32)
Score = 63.320000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = NFM_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.527 242152.000 2+ 109.166 41 63 30.497 821 - 829 EEEQETKEK

HIRA-INTERACTING PROTEIN 3 OS=HOMO SAPIENS GN=HIRIP3 PE=1 SV=3
MAREKEMQEFTRSFFRGRPDLSTLTHSIVRRRYLAHSGRSHLEPEEKQALKRLVEEELLKMQVDEAASREDKLDLTKKGKRPPTPCSDPERKRFRFNSESESGSEASSPDYFGPPAKNGVAAEVSPAKEENPRRASKA
VEESSDEERQRDLPAQRGEESSEEEEKGYKGKTRKKPVVKKQAPGKASVSRKQARESESEESEAEPVQRTAKKVEGNKGTKSLKESEQESEEEILAQKKEQREEEVEEEEKEEDEEKGDWKPRTRSNGRRKSAREERSC
KQKSQAKRLLGDSDSEEEQKEAASSGDDSGRDREPPVQRKSEDRTQLKGGKRLSGSSEDEEDSGKGEPTAKGSRKMARLGSTSGEESDLEREVSDSEAGGGPQGERKNRSSKKSSRKGRTRSSSSSSDGSPEAKGGKA
GSGRRGEDHPAVMRLKRYIRACGAHRNYKKLLGSCCSHKERLSILRAELEALGMKGTPSLGKCRALKEQREEAAEVASLDVANIISGSGRPRRRTAWNPLGEAAPPGELYRRTLDSDEERPRPAPPDWSHMRGIISSD
GESN

Digest Matches (Score: 60.24)
Score = 60.240000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = HIRP3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.479 242152.000 2+ 150.637 524 60 30.497 240 - 248 EEEVEEEEK

Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=1 SV=3 G3P_HUMAN
MGKVKVGVNGFGRIGRLVTRAAFNSGKVDIVAINDPFIDLNYMVYMFQYDSTHGKFHGTVKAENGKLVINGNPITIFQERDPSKIKWGDAGAEYVVESTGVFTTMEKAGAHLQGGAKRVIISAPSADAPMFVMGVNHE

BruKER **BioTools Version 3.1** **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:52
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_ON_BB1_01_930.d\Probe48_ON_BB1_01_930.mgf

KYDNSLKIISNASCTTNCLAPLAKVIHDNFGIVEGLMTTVHAITATQKTVDGPSGKLWRDGRGALQNIIPASTGAAKAVGKVIPELNGKLTGMAFRVPTANVSVVDLTCRLEKPAKYDDIKKVVKQASEGPLKGILGY
TEHQVVSSDFNSDTHSSTFDAGAGIALNDHFVKLISWYDNEFGYSNRVVDLMAHMASKE

MW:36030.400
Digest Matches (Score: 54.78)
Score = 54.780000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = G3P_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 203 706.370 1411.790 69820.000 2+ -41.256 1055 54 34.478 201 - 215 GALQNIIPASTGAAK
UNCHARACTERIZED PROTEIN C3ORF19 HOMOLOG OS=MUS MUSCULUS PE=2 SV=1
MDRKKKPLDVTASSLVDLKAELFRKQEEFKQEKLLKDSGVFGKPKTINKKPSIWSKQNAGVTSRAEKDAEQKLEEQKTLDKAREKLEEKAKLYEKMTKGDFLDEEVEDMYLVDPTQKIIVKRKEMEVLGATRESQIEE
ERDDDDKEEFSDKDIPPPQDPSEEWVDYVDSLGRSRRCMRKDLPSLLEMDKNLQGRLFVSPANEKTLLSEDMRKELQRQQWEEEEREALKKPMGPIHYEDIRENEARQLGVGYFAFARDKELRNKQMKTLEMLREQTT
DQRIKRENIKEKRKAMLEARLAKLRQKKMKKSKEDGTEEEGREADGVVPEPSEPKPVPAPAPVAQNSKVEVIIQERRDTKPGVPHIREWDRGKDFSFGFWSKKQSELRAERDPEFAPPSNYFVGQKRTAPMSSQPQSR
PGSAPSDLGHSSGQSQEPSSSHTSTPASESSPQAPTVTFQTLDDMISYYKQVT

Digest Matches (Score: 51.15)
Score = 51.150000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = CC019_MOUSE
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.593 242152.000 2+ 51.464 81 51 30.497 123 - 132 KEMEVLGATR 3: Oxidation (M)
THROMBOSPONDIN TYPE-1 DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 7A OS=HOMO SAPIENS GN=THSD7A PE=1 SV=3
MGLQARRWASGSRGAAGPRRGVLQLLPLPLPLPLLLLLLLRPGAGRAAAQGEAEAPTLYLWKTGPWGRCMGDECGPGGIQTRAVWCAHVEGWTTLHTNCKQAERPNNQQNCFKVCDWHKELYDWRLGPWNRCQPVISK
SLEKPLECIKGEEGIQVREIACIQKDKDIPAEDIICEYFEPKPLLEQACLIPCQQDCIVSEFSAWSECSKTCGSGLQHRTRHVVAPPQFGGSGCPNLTEPQVCQSSPCEAEELRYSLHVGPWSTCSMPHSRQVRQARR
RGKNKEREKDRSKGVKDPEARELIKKKRNRNRQNRQENKYWDIQIGYQTREVMCINKTGKAADLSFCQQEKLPMTFQSCVITKECQVSEWSEWSPCSKTCHDMVSPAGTRVRTRTIRQFPIGSEKECPEFEEKEPCLS
QGDGVVPCATYGWRTTEWTECRVDPLLSQQDKRRGNQTALCGGGIQTREVYCVQANENLLSQLSTHKNKEASKPMDLKLCTGPIPNTTQLCHIPCPTECEVSPWSAWGPCTYENCNDQQGKKGFKLRKRRITNEPTGG
SGVTGNCPHLLEAIPCEEPACYDWKAVRLGDCEPDNGKECGPGTQVQEVVCINSDGEEVDRQLCRDAIFPIPVACDAPCPKDCVLSTWSTWSSCSHTCSGKTTEGKQIRARSILAYAGEEGGIRCPNSSALQEVRSCN
EHPCTVYHWQTGPWGQCIEDTSVSSFNTTTTWNGEASCSVGMQTRKVICVRVNVGQVGPKKCPESLRPETVRPCLLPCKKDCIVTPYSDWTSCPSSCKEGDSSIRKQSRHRVIIQLPANGGRDCTDPLYEEKACEAPQ
ACQSYRWKTHKWRRCQLVPWSVQQDSPGAQEGCGPGRQARAITCRKQDGGQAGIHECLQYAGPVPALTQACQIPCQDDCQLTSWSKFSSCNGDCGAVRTRKRTLVGKSKKKEKCKNSHLYPLIETQYCPCDKYNAQPV
GNWSDCILPEGKVEVLLGMKVQGDIKECGQGYRYQAMACYDQNGRLVETSRCNSHGYIEEACIIPCPSDCKLSEWSNWSRCSKSCGSGVKVRSKWLREKPYNGGRPCPKLDHVNQAQVYEVVPCHSDCNQYLWVTEPW
SICKVTFVNMRENCGEGVQTRKVRCMQNTADGPSEHVEDYLCDPEEMPLGSRVCKLPCPEDCVISEWGPWTQCVLPCNQSSFRQRSADPIRQPADEGRSCPNAVEKEPCNLNKNCYHYDYNVTDWSTCQLSEKAVCGN
GIKTRMLDCVRSDGKSVDLKYCEALGLEKNWQMNTSCMVECPVNCQLSDWSPWSECSQTCGLTGKMIRRRTVTQPFQGDGRPCPSLMDQSKPCPVKPCYRWQYGQWSPCQVQEAQCGEGTRTRNISCVVSDGSADDFS
KVVDEEFCADIELIIDGNKNMVLEESCSQPCPGDCYLKDWSSWSLCQLTCVNGEDLGFGGIQVRSRPVIIQELENQHLCPEQMLETKSCYDGQCYEYKWMASAWKGSSRTVWCQRSDGINVTGGCLVMSQPDADRSCN
PPCSQPHSYCSETKTCHCEEGYTEVMSSNSTLEQCTLIPVVVLPTMEDKRGDVKTSRAVHPTQPSSNPAGRGRTWFLQPFGPDGRLKTWVYGVAAGAFVLLIFIVSMIYLACKKPKKPQRRQNNRLKPLTLAYDGDAD
M

Digest Matches (Score: 48.13)
Score = 48.130000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = THS7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 513.351 1025.610 55032.000 2+ 81.897 33 13 32.426 742 - 751 VNVGQVGPKK
MSMS 96 575.330 1149.495 242152.000 2+ 136.711 70 48 30.497 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
Elongation factor 1-alpha 1 OS=Bos taurus GN=EEF1A1 PE=2 SV=1 EF1A1_BOVIN
MGKETHINIVVIGHVDSGKSTTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEMGKGSFKYAWVLDKLKAERERGITIDISLWKFETSKYYVTIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAGVGEFEAGISKNGQTREHAL
LAYTLGVKQLIVGVNKMDSTEPPYSQKRYEEIVKEVSTYIKKIGYNPDTVAFVPISGWNGDNMLEPSANMPWFKGWKVTRKDGNASGTTLLEALDCILPPTRPTDKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGVLKPGM
VVTFAPVNVTTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNVSVKDVRRGNVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVIILNHPGQISAGYAPVLDCHTAHIACKFAELKEKIDRRSGKKLEDGPKFLKSGDAAIVDMVPGKPMCVES
FSDYPPLGRFAVRDMRQTVAVGVIKAVDKKAAGAGKVTKSAQKAQKAK

MW:50109.110
Digest Matches (Score: 47.89)
Score = 47.890000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = EF1A1_BOVIN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.2.06 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_57.12.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 513.351 1025.610 55032.000 2+ 81.882 43 47 32.426 256 - 266 IGGIGTVPVGR
Heat shock-related 70 kDa protein 2 OS=Homo sapiens GN=HSPA2 PE=1 SV=1 HSP72_HUMAN
MSARGPAIGIDLGTTYSCVGVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQVAMNPTNTIFDAKRLIGRKFEDATVQSDMKHWPFRVVSEGGKPKVQVEYKGETKTFFPEEISSMVLTKMKEIAEAYLGG
KVHSAVITVPAYFNDSQRQATKDAGTITGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKGCAGGEKNVLIFDLGGGTFDVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMVSHLAEEFKRKHKKDIGPNKRAVRRLRTACERAKRT
LSSSTQASIEIDSLYEGVDFYTSITRARFEELNADLFRGTLEPVEKALRDAKLDKGQIQEIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELNKSINPDEAVAYGAAVQAAILIGDKSENVQDLLLLDVTPLSLGIETAGGVMT
PLIKRNTTIPTKQTQTFTTYSDNQSSVLVQVYEGERAMTKDNNLLGKFDLTGIPPAPRGVPQIEVTFDIDANGILNVTAADKSTGKENKITITNDKGRLSKDDIDRMVQEAERYKSEDEANRDRVAAKNALESYTYNI
KQTVEDEKLRGKISEQDKNKILDKCQEVINWLDRNQMAEKDEYEHKQKELERVCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD

MW:69977.870
Digest Matches (Score: 127.06)
Score = 127.060000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = HSP72_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 310 830.430 1659.895 234236.000 2+ -25.587 17418 127 38.200 173 - 188 IINEPTAAAIAYGLDK
MSMS 3751077.610 3231.522 457769.000 3+ -218.807 29 17 40.200 605 - 639 VCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD 2: Carbamidomethyl (C)
Tubulin alpha-1A chain OS=Homo sapiens GN=TUBA1A PE=1 SV=1 TBA1A_HUMAN
MRECISIHVGQAGVQIGNACWELYCLEHGIQPDGQMPSDKTIGGGDDSFNTFFSETGAGKHVPRAVFVDLEPTVIDEVRTGTYRQLFHPEQLITGKEDAANNYARGHYTIGKEIIDLVLDRIRKLADQCTGLQGFLVF
HSFGGGTGSGFTSLLMERLSVDYGKKSKLEFSIYPAPQVSTAVVEPYNSILTTHTTLEHSDCAFMVDNEAIYDICRRNLDIERPTYTNLNRLIGQIVSSITASLRFDGALNVDLTEFQTNLVPYPRIHFPLATYAPVI
SAEKAYHEQLSVAEITNACFEPANQMVKCDPRHGKYMACCLLYRGDVVPKDVNAAIATIKTKRTIQFVDWCPTGFKVGINYQPPTVVPGGDLAKVQRAVCMLSNTTAIAEAWARLDHKFDLMYAKRAFVHWYVGEGME
EGEFSEAREDMAALEKDYEEVGVDSVEGEGEEEGEEY

MW:50103.610
Digest Matches (Score: 89.84)
Score = 89.840000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = TBA1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 404 851.380 1701.906 27555.000 2+ -89.991 139 89 41.300 65 - 79 AVFVDLEPTVIDEVR
HIRA-interacting protein 3 OS=Homo sapiens GN=HIRIP3 PE=1 SV=3 HIRP3_HUMAN
MAREKEMQEFTRSFFRGRPDLSTLTHSIVRRRYLAHSGRSHLEPEEKQALKRLVEEELLKMQVDEAASREDKLDLTKKGKRPPTPCSDPERKRFRNSESESGSEASSPDYFGPPAKNGVAAEVSPAKEENPRRASKA
VEESSDEERQRDLPAQRGEESSEEEEEKGYKGKTRKKPVVKKQAPGKASVSRKQAREESEESEAEPVQRTAKKVEGNKGTKSLKESEQESEEEILAQKKEQREEEVEEEEKEEDEEKGDWKPRTRSNGRRKSAREERSC
KQKSQAKRLLGDSDSEEEQKEAASSGDDSGRDREPPVQRKSEDRTQLKGGKRLSGSSEDEEDSGKGEPTAKGSRKMARLGSTSGEESDLEREVSDSEAGGGPQGERKNRSSKKSSRKGRTRSSSSSSDGSPEAKGGKA
GSGRRGEDHPAVMRLKRYIRACGAHRNYKKLLGSCCSHKERLSILRAELEALGMKGTPSLGKCRALKEQREEAAEVASLDVANIISGSGRPRRRTAWNPLGEAAPPGELYRRTLDSDEERPRPAPPDWSHMRGIISSD
GESN

MW:61919.950
Digest Matches (Score: 60.24)
Score = 60.240000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = HIRP3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 356 500.910 1000.553 38961.000 2+ 259.439 45 7 39.600 180 - 189 QAPGKASVSR
MSMS 96 575.330 1149.479 242152.000 2+ 150.985 524 60 30.500 240 - 248 EEEVEEEEK
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Homo sapiens GN=GAPDH PE=1 SV=3 G3P_HUMAN
MGKVKVGVNGFGRIGRLVTRAAFNSGKVDIVAINDPFIDLNYMVYMFQYDSTHGKFHGTVKAENGKLVINGNPITIFQERDPSKIKWGDAGAEYVVESTGVFTTMEKAGAHLQGGAKRVIISAPSADAPMFVMGVNHE
KYDNSLKIISNASCTTNCLAPLAKVIHDNFGIVEGLMTTVHAITATQKTVDGPSGKLWRDGRGALQNIIPASTGAAKAVGKVIPELNGKLTGMAFRVPTANVSVVDLTCRLEKPAKYDDIKKVVKQASEGPLKGILGY
TEHQVVSSDFNSDTHSSTFDAGAGIALNDHFVKLISWYDNEFGYSNRVVDLMAHMASKE

MW:36030.400
Digest Matches (Score: 54.78)
Score = 54.780000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = G3P_HUMAN

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:52
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_ON_BB1_01_930.d\Probe48_ON_BB1_01_930.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 203 706.370 1411.790 69820.000 2+ -40.831 1055 54 34.500 201 - 215 GALQNIIPASTGAAK
Transmembrane protein 209 OS=Homo sapiens GN=TMEM209 PE=1 SV=2 TM209_HUMAN
MMQGEAHPSASLIDRTIKMRKETEARKVVLAWGLLNVSMAGMIYTEMTGKLISSYYNVTYWPLWYIELALASLFSLNALFDFWRYFKYTVAPTSLVVSPGQQTLLGLKTAVVQTTPPHDLAATQIPPAPPSPSIQGQS
VLSYSPSRSPSTSPKFTTSCMTGYSPQLQGLSSGGSGSYSPGVTYSPVSGYNKLASFSPSPPSPYPTTVGPVESSGLRSRYRSSPTVYNSPTDKEDYMTDLRTLDTFLRSEEEKQHRVKLGSPDSTSPSSSPTFWNYS
RSMGDYAQTLKKFQYQLACRSQAPCANKDEADLSSKQAAEEVWARVAMNRQLLDHMDSWTAKFRNWINETILVPLVQEIESVSTQMRRMGCPELQIGEASITSLKQAALVKAPLIPTLNTIVQYLDLTPNQEYLFERI
KELSQGGCMSSFRWNRGGDFKGRKWDTDLPTDSAIIMHVFCTYLDSRLPPHPKYPDGKTFTSQHFVQTPNKPDVTNENVFCIYQSAINPPHYELIYQRHVYNLPKGRNNMFHTLLMFLYIIKTKESGMLGRVNLGLSG
VNILWIFGE

MW:62881.470
Digest Matches (Score: 51.67)
Score = 51.670000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = TM209_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 224 764.350 1527.722 54228.000 2+ -19.175 27 51 35.200 2 - 15 MQGEAHPSASLIDR 1: Oxidation (M)
THROMBOSPONDIN TYPE-1 DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 7A OS=HOMO SAPIENS GN=THSD7A PE=1 SV=4 THS7A_HUMAN
MGLQARRWASGSRGAAGPRRGVLQLLPLPLPLPLLLLLLLRPGAGRAAAQGEAEAPTLYLWKTGPWGRCMGDECGPGGIQTRAVWCAHVEGWTTLHTNCKQAERPNNQQNCFKVCDWHKELYDWRLGPWNQCQPVISK
SLEKPLECIKGEEGIQVREIACIQKDKDIPAEDIICEYFEPKPLLEQACLIPCQQDCIVSEFSAWSECSKTCGSGLQHRTRHVVAPPQFGGSGCPNLTEFQVCQSSPCEAEELRYSLHVGPWSTCSMPHSRQVRQARR
RGKNKEREKDRSKGVKDPEARELIKKKRNRNRQNRQENKYWDIQIGYQTREVMCINKTGKAADLSFCQQEKLPMTFQSCVITKECQVSEWSEWSPCSKTCHDMVSPAGTRVRTRTIRQFPIGSEKECPEFEEKEPCLS
QGDGVVPCATYGWRTTEWTECRVDPLLSQQDKRRGNQTALCGGGIQTREVYCVQANENLLSQLSTHKNKEASKPMDLKLCTGPIPNTTQLCHIPCPTECEVSPWSAWGPCTYENCNDQQGKKGFKLRKRRITNEPTGG
SGVTGNCPHLLEAIPCEEPACYDWKAVRLGNCEPDNGKECGPGTQVQEVVCINSDGEEVDRQLCRDAIFPIPVACDAPCPKDCVLSTWSTWSSCSHTCSGKTTEGKQIRARSILAYAGEEGGIRCPNSSALQEVRSCN
EHPCTVYHWQTGPWGQCIEDTSVSSFNTTTTWNGEASCSVGMQTRKVICVRVNVGQVGPKKCPESLRPETVRPCLLPCKKDCIVTPYSDWTSCPSSCKEGDSSIRKQSRHRVIIQLPANGGRDCTDPLYEEKACEAPQ
ACQSYRWKTHKWRRCQLVPWSVQQDSPGAQEGCGPGRQARAITCRKQDGGQAGIHECLQYAGPVPALTQACQIPCQDDCQLTSWSKFSSCNGDCGAVRTRKRTLVGKSKKKEKCKNSHLYPLIETQYCPCDKYNAQPV
GNWSDCILPEGKVEVLLGMKVQGDIKECGQGYRYQAMACYDQNGRLVETSRCNSHGYIEEACIIPCPSDCKLSEWSNWSRCSKSCGSGVKVRSKWLREKPYNGGRPCPKLDHVNQAQVYEVVPCHSDCNQYLWVTEPW
SICKVTFVNMRENCGEGVQTRKVRCMQNTADGPSEHVEDYLCDPEEMPLGSRVCKLPCPEDCVISEWGPWTQCVLPCNQSSFRQRSADPIRQPADEGRSCPNAVEKEPCNLNKNCYHYDYNVTDWSTCQLSEKAVCGN
GIKTRMLDCVRSDGKSVDLKYCEALGLEKNWQMNTSCMVECPVNCQLSDWSPWSECSQTCGLTGKMIRRRTVTQPFQGDGRPCPSLMDQSKPCPVKPCYRWQYGQWSPCQVQEAQCGEGTRTRNISCVVSDGSADDFS
KVVDEEFCADIELIIDGNKNMVLEESCSQPCPGDCYLKDWSSWSLCQLTCVNGEDLGFGGIQVRSRPVIIQELENQHLCPEQMLETKSCYDGQCYEYKWMASAWKGSSRTVWCQRSDGINVTGGCLVMSQPDADRSCN
PPCSQPHSYCSETKTCHCEEGYTEVMSSNSTLEQCTLIPVVVLPTMEDKRGDVKTSRAVHPTQPSSNPAGRGRTWFLQPFGPDGRLKTWVYGVAAGAFVLLIFIVSMIYLACKKPKKPQRRQNNRLKPLTLAYDGDAD
M

Digest Matches (Score: 48.13)
Score = 48.130000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = THS7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 513.350 1025.610 55032.000 2+ 80.531 33 13 32.400 742 - 751 VNVGQVGPKK
MSMS 96 575.330 1149.495 242152.000 2+ 137.059 70 48 30.500 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
Elongation factor 1-alpha 2 OS=Homo sapiens GN=EEF1A2 PE=1 SV=1 EF1A2_HUMAN
MGKEKTHINIVVIGHVDSGKSTTTGHLIYKCGGIDKRTIEKFEKEAAEMGKGSFKYAWVLDKLKAERERGITIDISLWKFETTKYYITIIDAPGHRDFIKNMITGTSQADCAVLIVAAGVGEFEAGISKNGQTREHAL
LAYTLGVKQLIVGVNKMDSTEPAYSEKRYDEIVKEVSAYIKKIGYNPATVPFVPISGWHGDNMLEPSPNMPWFKGWKVERKEGNASGVSLLEALDTILPPTRPTDKPLRLPLQDVYKIGGIGTVPVGRVETGILRPGM
VVTFAPVNITTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNVSVKDIRRGNVCGDSKSDPPQEAAQFTSQVIILNHPGQISAGYSPVIDCHTAHIACKFAELKEKIDRRSGKKLEDNPKSLKSGDAAIVEMVPGKPMCVES
FSQYPPLGRFAVRDMRQTVAVGVIKNVEKKSGGAGKVTKSAQKAQKAGK

MW:50438.310
Digest Matches (Score: 47.89)
Score = 47.890000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = EF1A2_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 186 604.340 604.341 874367.000 1+ -2.140 19 11 33.900 444 - 450 KSGGAGK
MSMS 147 513.350 1025.610 55032.000 2+ 80.516 43 47 32.400 256 - 266 IGGIGTVPVGR
Cordon-bleu protein-like 1 OS=Homo sapiens GN=COBLL1 PE=1 SV=2 COBL1_HUMAN
MCGRAAEAAASSRTPGREMGQAVTRRLGAGARAAPRRAMDGRTPRPQDAPARRKPKAKAPLPPAETKYTDVSSAADSVESTAFIMEQKENMIDKDVELSVVLPGDIIKSTTVHGSKPMMDLLIFLCAQYHLNPSSYTI
DLLSAEQNHIKFKPNTPIGMLEVEKVILKPKMLDKKKPTPIIPEKTVRVVINFKKTQKTIVRVSPHASLQELAPIICSKCEFDPLHTLLLKDYQSQEPLDLTKSLNDLGLRELYAMDVNRESCQISQNLDIMKEKENK
GFFSFFQRSKKKRDQTASAPATPLVNKHRPTFTRSNTISKPYISNTLPSDAPKKRRAPLPPMPASQSVPQDLAHIQERPASCIVKSMSVDETDKSPCEAGRVRAGSLQLSSMSAGNSSLRRTKRKAPSPPSKIPPHQS
DENSRVTALQPVDGVPPDSASEANSPEELSSPETFHPGLSSQEQCTAPKLMEETSVFECPGTPEAATTSLTSGISSDYSLEEIDEKEELSEVPKVEAENISPKSQDIPFVSTDIINTLKNDPDSALGNGSGEFSQNSM
EEKQETKSTDGQEPHSVVYDTSNGKKVVDSIRNLKSLGPNQENVQNEIIVYPENTEDNMKNGVKKTEINVEGVAKNNNIDMEVERPSNSEAHETDTAISYKENHLAASSVPDQKLNQPSAEKTKDAAIQTTPSCNSFD
GKHQDHNLSDSKVEECVQTSNNNISTQHSCLSSQDSVNTSREFRSQGTLIIHSEDPLTVKDPICAHGNDDLLPPVDRIDKNSTASYLKNYPLYRQDYNPKPKPSNEITREYIPKIGMTTYKIVPPKSLEISKDWQSET
IEYKDDQDMHALGKKHTHENVKETAIQTEDSAISESPEEPLPNLKPKPNLRTEHQVPSSVSSPDDAMVSPLKPAPKMTRDTGTAPFAPNLEENNILESKFKSRASNAQAKPSSFFLQMQKRVSGHYVTSAAAKSVHA
APNPAPKELTNKEAERDMLPSPEQTLSPLSKMPHSVPQPLVEKTDDDVIGQAPAEASPPPIAPKPVTIPASQVSTQNLKTLKTFGAPRPYSSSGPSPFALAVVKRSQSFSKERTESPSASALVQPPANTEEGKTHSVN
KFVDIPQLGVSDKENNSAHNEQNSQIPTPTDGPSFTVMRQSSLTFQSSDPEQMRQSLLTAIRSGEAAAKLKRVTIPSNTISVNGRSRLSHSMSPDAQDGH

MW:131705.140
Digest Matches (Score: 46.06)
Score = 46.060000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = COBL1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 311 698.420 1395.686 53802.000 2+ 105.015 46 46 38.200 654 - 666 ENHLAASSVPDQK
Extracellular leucine-rich repeat and fibronectin type-III domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=ELFN1 PE=2 SV=1 ELFN1_HUMAN
MAGRGWGALWVCVAAATLLHAGGLARADCWLIEGDKGFVWLAICSQNQPPYEAIPQQINSTIVDLRLNENRIRSVQYASLSRFGNLTYLNLTKNEIGYIEDGAFSGQFNLQVLQLGYNRLRNLTEGMLRGLGKLEYLY
LQANLIEVVMASSFWECPNIVNIDLSMNRIQQLNSGTFAGLAKLSVCELYSNPFYCSCELLGFLRWLAAFTNATQTYDRMQCESPPVYSGYYLLGQGRRGHRSILSKLQSVCTEDSYAAEVVGPPRPASGRSQPGRSP
PPPPPPPEPSDMPCADDECFSGDGTTPLVALPTLATQAEARPLIKVKQLTQNSATITVQLPSPFHRMYTLEHFNNSKASTVSRLTKAQEEIRLTNLFTLTNYTYCVVSTSAGLRHNHTCLTICLPRLPSPPGPVPSPST
ATHYIMTILGCLFGMVLVLGAVYYCLRRRRRQEKHKKAASAAAGSLKKTIILKYGPELEAPGLAPLSQGPLLGPEAVTRIPYLPAAGEVEQYKLVESADTPKASKGSYMESSVAEISTIAKEVDKVNQIINNCID
ALKSESTSFQGVKSGPVSVAEPPLVLLSEPLAAKHGFLAPGYKDAFGHSLQRHHSVEAAGPPRASTSSSGSVRSPRAFRAEAVGVHKAAAAEAKYIEKGSPAADAILTVTPAAAVLRAEAEKGRQYGEHRHSYPGSHP
AEPPAPPGPPPPPPHEGLGRKASILEPLTRPRPRDLAYSQLSPQYHSLSYSSSPEYTCRASQSIWERFRLSRRRHKEEEEFMAAGHALRKKVQFAKDEDLHDILDYWKGVSAQHKS

MW:88001.870
Digest Matches (Score: 42.55)
Score = 42.550000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = ELFN1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 103 523.250 1045.600 45698.000 2+ -102.685 51 42 30.700 452 - 463 KAASAAAAGSLK
CHOLINE-PHOSPHATE CYTIDYLYLTRANSFERASE B OS=HOMO SAPIENS GN=PCYT1B PE=1 SV=1 PCY1B_HUMAN
MPVVTTDAESETGIPKSLSNEPPSETMEEIEHTCPQPRLTLTAPAPFADETNCQCQAPHEKLTIAQARLGTPADRPVRVYADGIFDLFHSGHARALMQAKTLFPNSYLLVGVCSDDLTHKFKGFTVMNEAERYEALRH
CRYVDEVIRDAPWTLTPEFLEKHKIDFVAHDDIPYSSAGSDDVYKHIKEAGMPVPTQRTEGISTSDIITRIVRDYDVYARRNLQRGYTAKELANVSFINEKRYRFQNQVDKMKEKVKNVEERSKEFVNRVEEKSHDLIQ
KWEEKSREFIGNFLELFGPDGAWKQMFQERSSRMLQALSPKQSPVSSPTRSRSPSRSPSPTFSWLPLKTSPPSSPKAASASISSMSEGDEDEK

Digest Matches (Score: 40.38)
Score = 40.380000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = PCY1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.590 242152.000 2+ 54.748 48 40 30.500 262 - 270 EFVNRVEEK
SNW DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 1 OS=HOMO SAPIENS GN=SNW1 PE=1 SV=1 SNW1_HUMAN
MALTSFLPAPTQLSQDQLEAEEKARSQRSRQTSLVSSRREPPYGYRKGWIPRLLEDFGDGGAFPEIHVAQYPLDMGRKKKMSNALAIQVDSEGKIKYDAIARQGQSKDKVIYSKYTDLVPKEVMNADDPDLQRPDEE
AIKEITEKTRVALEKSVSQKVAAAMPVRAADKLAAPAQYIRYTPSQQCVAFNSGAKQRVIRNVEMQKDPMEPPRFKINKKIPRGPPSPPAPVMHSPSRKMTVKEQQEWKIPPCISNWKNAKGYTIPLDRKLAADGRGLQ
TVHINENFAKLAEALYIADRKAREAVEMRAQVERKMAQKEKEKHEEKLREMAQKARERRAGIKTHVEKEDGEAERERDEIRHDRRKERQHDRNLSRAAPDKRSKLQRNENRDISEVIALGVPNPRTSNEVQYDQRLFNQ
SKGMDSGFAGGEDEIYNVYDQAWRGGKDMAQSIYRPSKNLDKDMYGDDLEARIKTNRFVPDKEFSGSDRRQRGREGPVQFEEDPFGLDKFLEEAKQHGGSKRPSDSSRPKEHEHEGKKRRKE

Digest Matches (Score: 40.38)
Score = 40.380000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = SNW1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:52
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_ON_BB1_01_930.d\Probe48_ON_BB1_01_930.mgf

MSMS 96 575.330 1149.612 242152.000 2+ 35.591 266 40 30.500 196 - 204 VIRMVEMQK 4: Oxidation (M)
COILED-COIL DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 114 OS=HOMO SAPIENS GN=CCDC114 PE=2 SV=3 CC114_HUMAN
MEGERRAYSKEVHQRINKQLEEIRRLEEVRGDLQVQISAAQNQVKRLRDSQRLENMDRLLKGRAQVQAEIEELQEQTRALDKQIQEWETRIFTHSKNVRSPGFILDQKVKIRRRIRILENQLDRVTCHFDNQLVRNAA
LREELDLLRIDRNRYLNVDRKLKKEIHHLHHLVSTLILSSTSAYAVREEAKAKMGLLRERAEKEEAQSEMEAQVLQRQILHLEQLHHFLKLKNNDRQPDPDVLEKREKQAGEVAEGVWKTSQERLVLCYEDALNKLSQ
LMGESDPDLLVQKYLEIEERNFAEFNFINEQNLELEHVQEEIKEMQEALVSARASKDDQHLLQEQQQKVLQQRMDKVHSEAERLEARFQDVRGQLEKLKADIQLLFTKAHCDSSMIDDLLGVKTSMGDRDMGLFLSLI
EKRLVELLTVQAFLHAQSFTSLADAALLVLGQSLEDLPKKMAPLQPPDTLEDPPGFEASDDYPMSREELLSQVEKLVELQEQAEAQRQKDLAAAAAKLDGTLSVDLASTQRAGSSTVLVPTRHPHAIPGSILSHKTSR
DRGSLGHVTFGGLSSSTGHLPSHITHGDPNTGHVTFGSTSASSGGHVTFRPVSASSYLGSTGYVGSSRGGENTEGGVESGGTASDSSGGLGSSRDHVSSTGPASSTGPGSSTSKDSRG

Digest Matches (Score: 39.86)
Score = 39.860000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = CC114_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.557 242152.000 2+ 83.499 57 39 30.500 320 - 329 EMQEALVSAR 2: Oxidation (M)
THYROID RECEPTOR-INTERACTING PROTEIN 11 OS=HOMO SAPIENS GN=TRIP11 PE=1 SV=3 TRIPB_HUMAN
MSSWLGGLGSGLGQSLGQVGGSLASLTGQISNFTKDMLMEGTEEVEAELPDSRTKEIEAIHAILRSENERLKKLCTDLEEKHEASEIQIKQQSTSYRNQLQQKEVEISHLKARQIALQDQLLKLQSAAQSVPSGAGVP
ATTASSSFAYGISHHPSAFHDDDMDFGDIISSQQEINRLSNEVSRLESEVGHWRHIAQTSKAQGTDNSDQSEICKLQNIIKELKQNRSQEIDDHQHEMSVLQNAHQQKLTEISRRHREELSDYEERIEELENLLQQGG
SGVIETDLSKIYEMQKTIQVLQIEKVESTKKMEQLEDKIKDINKKLSSAENDRDILRREQEQLNVEKRQIMEECENLKLECSKLQPSAVKQSDTMTEKERILAQSASVEEVFRLQQALSDAENEIMRLSSLNQDNSLA
EDNLKLKMRIEVLEKEKSLLSQEKEELQMSLLKLNNEYEVIKSTATRDISLDSELHDLRLNLEAKEQELNQSISEKETLIAEIEELDRQNQEATKHMILIKDQLSKQQNEGDSIISKLKQDLNDEKKRVHQLEDDKMD
ITKELDVQKELIQSEVALNDLHLTKQKLEDKVENLVDQLNKSQESNVSIQKENLELKEHIRQNEEELSRIRNELMQSLNQDSNSNFKDTLLKEREAEVRNLKQNLSELEQLNENLKKVAFDVKMENEKLVLACEDVR
HQLEECLAGNNQLSLEKNTIVETLKMEKGEIEAELCWAKKRLLEEANKYEKTIEELSNARNLNTSALQLEHEHLIKLNQKKDMEIAELLKKNIEQMDTDHKETKDVLSSSLEEQXQLTQLINKKEIFIEKLKERSSKLQ
EELDKYSQALRKNEILRQTIEEKDRSLGSMKEENNHLQEELERLREEQSRTAPVADPKTLDSVTELASEVSQLNTIKEHLEEEIKHHQKIIEDQNQSKMQLLQSLQEQKKEMDEFRYQHEQMNATHTQLFLEKDEEIK
SLQKTIEQIKTQLHEERQDIQTDNSDIFQETKVQSLNIENGSEKHDLSKAETERLVKGIKERELEIKLLNEKNISLTKQIDQLSKDEVGKLTQIIQQKDLEIQALHARISSTSHTQDVVYLQQQLQAYAMEREKVFAV
LNEKTRENSHLKTEYHKMMDIVAAKEAALIKLQDENKKLSTRFESSGQDMFRETIQNLSRIIREKDIEIDALSQKCQTLLAVLQTSSTGNEAGGVNSNQFEELLQERDKLKQQVKKMEEWKQQVMTTVQNMQHESAQL
QEELHQLQAQVLVDSDNNSKLQVDYTGLIQSYEQNETKLKNFGQELAQVQHSIGQLCNTKDLLLGKLDIISPQLSSASLLTPQSAECLRASKSEVLSESSELLQQELEELRKSLQEKDATIRTLQENNHRLSDSIAAT
SELERKEHEQTDSEIKQLKEKQDVLQKLLKEKDLLIKAKSDQLLSSNENFTNKVNENELLRQAVTNLKERILILEMDIGKLKGENEKIVETYRGKETEYQALQETNMKFSMMLREKEFECHSMKEKALAFEQLLKEKE
QGKTGELNQLLNAVKSMQEKTVVFQQERDQVMLALKQKQMENTALQNEVQRLRDKEFRSNQELERLRNHLLESEDSYTREALAAEDREAKLRKKVTVLEEKLVSSSNAMENASHQASVQVESLQEQLNVVSKQRDETA
LQLSVSQEQVKQYALSLANLQMVLEHFQQEEKAMYSAELEKQKQLIAEWKKNAENLEGKVISLQECLDEANAALDSASRLTEQLDVKEEQIEELKRQNELRQEMLDDVQKKLMSLANSSEGKVDKVLMRNLFIGHFHT
PKNQRHEVLRLMGSILGVRREEMEQLFHDDQGGVTRWMTGWLGGGSKSVPNTPLRPNQQSVVNSSFSELFVKFLETESHPSIPPPKLSVHDMKPLDSPGRRKRDTNAPESFKDTAESRSGRRTDVNPFLAPRSAAVPL
INPAGLGPGGPGHLLLKPISDVLPTFTPLPALPDNSAGVVLKDLLKQ

Digest Matches (Score: 37.68)
Score = 37.680000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = TRIPB_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 162 529.310 1057.517 51921.000 2+ 90.723 39 18 32.900 1489 - 1496 FSMMLREK 4: Oxidation (M)
MSMS 162 529.310 1057.517 51921.000 2+ 90.723 40 18 32.900 1489 - 1496 FSMMLREK 3: Oxidation (M)
MSMS 96 575.330 1149.582 242152.000 2+ 61.603 73 37 30.500 308 - 316 MEQLEDKIK 1: Oxidation (M)
TELOMERIC REPEAT-BINDING FACTOR 2 OS=HOMO SAPIENS GN=TERF2 PE=1 SV=2 TERF2_HUMAN
MAGGGGSSDGSGRAAGRRASRSSGRARRGRHEPGLGGPAERGAGEARLEEAVNRWVLKFYFHEALRAFRGSRYGDFRQIRDMQALLVRPLGKEHTVSRLLRVMQCLSRIEEGENLDCSFDMEAELTPLESAINVLEM
IKTEFTLTEAVVESSRKLVKEAAVIICIKNKEFEKASKILKKHMSKDPTTQKLRNDLLNIIREKNLAHPVIQNFSYETFQQKMLRFLESHLDDAEPYLLTMAKKALKSESAASSTGKEDKQPAPGPVEKPPREPARQL
RNPPTTIGMMTLKAAFKTLSGAQDSEAAFAKLDQKDLVLPTQALPASPALKNKRPRKDENESSAPADGEGGSELQPKNKRMTISRLVLEEDSQSTEPSAGLNSSQEAASAPPSKPTVLNQPLPGEKNPKVPKGKWNSS
NGVEEKETWVEEDELFQVQAAPDEDSTTNITKKQKWTVEESEWVKAGVQKYGEGNWAAISKNYPFVNRTAVMIKDRWRTMKRLGMN

Digest Matches (Score: 37.59)
Score = 37.590000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = TERF2_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.517 242152.000 2+ 118.111 43 37 30.500 411 - 420 WNSSNGVEEK
SECRETED FRIZZLED-RELATED PROTEIN 4 OS=HOMO SAPIENS GN=SFRP4 PE=1 SV=2 SFRP4_HUMAN
MFLSILVALCLWLHLALGVRGAPCEAVRIPMCRHMPWNITRMPNHLHHSTQENAILAIEQYEELVDVNCSAVLRFFLCAMYAPICTLEFLHDPIKPCKSVCQRARDDCEPLMKMYNHSWPESLACDELPVYDRGVCIS
PEAIVTDLPEDVKWIDITPDMMVQERPLDVDCKRLSPDRCKCKKVKPTLATYLSKNYSYVIHAKIKAVQRSGCNEVTTVVDVKEIFKSSSPIPRTQVPLITNSSCQCPHILPHQDVLIMCYEWRSRMMLLENCLVEKW
RDQLSKRSIQWEERLQEQRRTVQDKKKTAGRTSRSNPPKPKGKPPAPKPASPKKNIKTRSAQKRTNPKRV

Digest Matches (Score: 37.35)
Score = 37.350000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = SFRP4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 311 698.420 1395.668 53802.000 2+ 118.091 153 37 38.200 265 - 275 MMLLENCLVEK 1: Oxidation (M) 7: Carbamidomethyl (C)
MSMS 311 698.420 1395.668 53802.000 2+ 118.091 143 28 38.200 265 - 275 MMLLENCLVEK 2: Oxidation (M) 7: Carbamidomethyl (C)
INTER-ALPHA-TRYPSIN INHIBITOR HEAVY CHAIN H3 OS=HOMO SAPIENS GN=ITIH3 PE=1 SV=2 ITIH3_HUMAN
MAFAWWPCLILALLSSLAASGFPRSPFRLLGKRSLPEGVANGIEVYSTKINSKVTSRFAHNVVTMRAVNRADTAKEVSFDVELPKTAFITNFTLTIDGVTYPGNVKEKEVAKKQYEKAVSQGKTAGLVKASGRKLEKF
TVSVNVAAGSKVTFELTYEELLKRHKGKYEMYLKVQPKQLVKHFEIEVDIFEPQGISMLDAEASFITNDLLGSALTKSFSGKKGHVSFKPSLDQQRSCPTCTDSLLNGDFTITYDVNRESPGNVQIVNGYFVHFFAPQ
GLPVVPKNVAFVIDISGSMAGRKLEQTKEALLRILEDMQEEDYLNFILFSGDVSTWKEHLVQATPENLQEARTFVKSMEDKGMTNINDGLLRGISMLNKAREEHRIPERSTSIVIMLTDGDANVGESRPEKIQENVRN
AIGGKFPLYNLGFGNNLNYNFLENMALENHGFARRIYEDSDADLQLQGFYEEVANPLLTGVEMEYPENAILDLTQNTYQHFYDGSEIVVAGRLVDEDMNSFKADVKGHGATNDLTFTEEVDMKEMEKALQERDYIFGN
YIERLWAYLTIEQLLEKRKNAHGEEKENLTARALDLSLKYHFVTPLTSMVVTKPEDNEDERAIADKPGEDAEATPVSPAMSYLTSYQPPQNPYYYVDGDPHFIIQIPEKDDALCFNIDEAPGTVLRLIQDAVTGLTVN
GQITGDKRGSPDSKTRKTYFGKLGIANAQMDFQVEVTTEKITLWNRAVPSTFSWLDTVTVTQDGLSMMINRKNMVVSFGDGVTFVVVLHQVWKKHPVHRDFLGFYVVDSHRMSAQTHGLLGQFFQPFDFKVSDIRPGS
DPTKPDATLVVKNHQLIVTRGSQKDYRKDASIGTKVVCWFVHNNGEGLIDGVHTDYIVPNLF

Digest Matches (Score: 37.34)
Score = 37.340000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = ITIH3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.557 242152.000 2+ 83.512 42 37 30.500 538 - 546 EMEKALQER 2: Oxidation (M)
TBC1 DOMAIN FAMILY MEMBER 14 OS=HOMO SAPIENS GN=TBC1D14 PE=1 SV=3 TBC14_HUMAN
MTDGKLSTSTNGVAFMGILDGRPGNPLQNLQHVNLKAPRLLSAPEYGPKLKLRALEDRHSLQSVDSGIPTLEIGNPEPVPCSAVHVRRKQSDSDLIPERAFQSACALPSCAPPAPSSTEREQSVRKSSTFPRTGYDSV
KLYSPTSKALTRSDDVSVCSVSSLGTELSTTLSVSNEDILDLVVTSSSSAIVTLENDDDPQFTNVTLSSIKETRGLHQQDCVHEAEEGSKLKILGPFSNFFARNLLARKQSARLDKHNDLGWKLFGKAPLRENAQKDS
KRIQKEYEDKAGRPSKPPSPKQNVRKNLDFEPLSTTALILEDRPANLPAKPAEEAQKHRQQYEEMVVQAKKRELKEAQRRKKQLEERCRVEESIGNAVLTWNNEILPNWETMWCSRKVRDLWWQGIPPSVRGKVWSLA
IGNELNITHELFDICLARAKERWRSLSTGGSEVENEDAGFSAADREASLELIKLDISRTFPNLCIFQQGGPYHDMLHSILGAYTCYRPDVGYVQGMSFIAAVLILNLDTADAFIAFSNLLNKPCQMAFFRVDHGLMLT
YFAAFEVFFEENLPKLFAHFKKNNLTPDIYLIDWIFTLYSKSLPLDLACRIWDVFCRDGEEFLFRTALGILKLFEDILTKMDFIHMAQFLTRLPEDLPAEELFASIATIQMQSRNKKWAQVLTALQKDSREMEKGSPS
LRH

Digest Matches (Score: 37.34)
Score = 37.340000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = TBC14_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 96 575.330 1149.557 242152.000 2+ 83.499 77 37 30.500 683 - 692 EMEKGSPSLR 2: Oxidation (M)
Zinc transporter 1 OS=Homo sapiens GN=SLC30A1 PE=1 SV=3 ZNT1_HUMAN
MGCWGRNRGRLLCMLALTFMFMVLEVVVSRVTSSLAMLSDSFHMLSDVLALVVALVAERFARRTHATQKNTFGWIRAEVMGALVNAIFLTGLCFAILLEAIERFIEPHEMQQPLVVLGVGVAGLLVNVLGLCLFHHHS
GFSQDSGHGHSHGGHGHGHGLPKGPRVKSTRPGSSDINVAPGEQGPDQEETNTLVANTSNSNGLKLDPADPENPRSGDTYEVQVNGNLVREPDHMELEEDRAGQLNMRGVFLHVLGDALGSVIVVVNALVFYFSWKGC
SEGDPCVNPCPPDPCKAFYEIINSTHASVYEAGPCWVLYLDPTLCVVMVCILLYTTYPLLKESALILLQTVPKQIDIRNLIKELRNVEGVEEVHELHVWQLAGSRIIATAHIKCEDPTSYMEVAKTIKDVFHNHGIHA
TTIQPEFASVGSKSSVVPCELACRTQCALKQCCGTLPQAPSGKDAEKTPAVSISCLELSNNLEKKPRRTKAENIPAVVIEIKNMPNKQPESSL

MW:55264.050
Digest Matches (Score: 36.97)
Score = 36.970000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = ZNT1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 252 715.390 1429.597 169329.000 2+ 122.740 42 36 36.100 390 - 401 CEDPTSYMEVAK 1: Carbamidomethyl (C)
Protocadherin Fat 1 OS=Homo sapiens GN=FAT1 PE=1 SV=2 FAT1_HUMAN
MGRHLALLLLLLLLFQHFGDSDGSQRLEQTPLQFTHLEYNVTVQENSAAKTYVGHPVKMGVYITHPAWEVRYKIVSGDSENLFKAEEYILGDFCFLRIRTKGGNTAILNREVKDHYTLIVKALEKNTNVEARTKVRVQ
VLDTNDLRPLFSPTSYSVSLPENTAIRTSIARVSATDADIGTNGEFYYSFKDRTDMFAIHPTSGVIVLTGRLDYLETKLYEMEILAADRGMKLYGSSGISSMAKLTVHIEQANECAPVITAVTLSPSELDRDPAYAIV

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:52
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080527\Probe48_ON_BB1_01_930.d\Probe48_ON_BB1_01_930.mgf

TVDDCDQGANGDIASLSIVAGDLLQQFRTVRSFPGSKEYKVKAIGGIDWDSHPFGYNLTLQAKDKGTPPQFSSVKVIHVTSPQFKAGPVKFEKDVYRAEISEFAPPNTPVVMVKAIPAYSHLRYVFKSTPGKAKFSLN
YNTGLISILEPVKRQQAAHFELEVTTSDRKASTKVLVKVLGANSNPPEFTQTAYKAAFDENVPIGTTVMSLSAVDPDEGENGYVTYSIANLNHVPFAIDHFTGAVSTSENLDYELMPRVYTLRIRASDWGLPYRREVE
VLATITLNNLNDNTPLFEKINCEGTIPRDLGVGEQITTVSAIDADELQLVQYQIEAGNELDFFSLNPNSGVLSLKRSLMDGLGAKVSFHSLRITATDGENFATPLYINITVAASHKLVNLQCEETGVAKMLAEKLLQA
NKLHNQGEVEDIFFDSHSVNAHIPQFRSTLPTGIQVKENQPVGSSVIFMNSTDLDTGFNGKLVYAVSGGNEDSCFMIDMETGMLKILSPLDRETTDKYTLNITVYDLGIPQKAAWRLLHVVVVDANDNPPEFLQESYF
VEVSEDKEVHSEIIQVEATDKDLGPNGHVTYSIVTDTDTFSIDSVTGVVNIARPLDRELQHEHSLKIEARDQAREEPQLFSTVVVKVSLEDVNDNPPTFIPPNYRVKVREDLPEGTVIMWLEAHDPDLGQSGQVRYSL
LDHGEGNFDVDKLSGAVRIVQQLDFEKKQVYNLTVRAKDKGKPVSLSSTCYVEVEVVDVNENLHPPVFSSFVEKGTVKEDAPVGSLVMTVSAHDEDARRDGEIRYSIRDGSGVGVFKIGEETGVIETSDRLDRESTSH
YWLTVFATDQGVVPLSSFIEIYIEVEDVNDNAPQTSEPVYYPEIMENSPKDVSVVQIEAFDPDSSSNDKLMYKITSGNPQGFFSIHPKTGLITTTSRKLDREQQDEHILEVTVTDNGSPPKSTIARVIVKILDENDNK
PQFLQKFYKIRLPEREKPDRERNARREPLYHVIATDKDEGPNAEISYSIEDGNEHGKFFIEPKTGVVSSKRFSAAGEYDILSIKAVDNGRPQKSSTTRLHIEWISKPKPSLEPISFEESFFTFTVMESDPVAHMIGVI
SVEPPGIPLWFDITGGNYDSHFDVDKGTGTIIVAKPLDAEQKSNYNLTVEATDGTTTILTQVFIKVIDTNDHRPQFSTSKYEVVIPEDTAPETEILQISAVDQDEKNKLIYTLQSSRDPLSLKKFRLDPATGSLYTSE
KLDHEAVHQHTLTVMVRDQDVPVKRNFARIVVNVSDTNDHAPWFTASSYKGRVYESAAVGSVVLQVTALDKDKGKNAEVLYSIESGNIGNSFMIDPVLGSIKTAKELDRSNQAEYDLMVKATDKGSPPMSEITSVRIF
VTIADNASPKFTSKEYSVELSETVSIGSFVGMVTAHSQSSVVYEIKDGNTGDAFDINPHSGTIITQKALDFETLPIYTLIIQGTNMAGLSTNTTVLVHLQDENDNAPVFMQAEYTGLISESASINSVVLTDRNVPLVI
RAADADKDSNALLVYHIVEPSVHTYFAIDSSTGAITVLSLDYEETSIFHPTVQVHDMGTPRLFAEYAANVTVHVIDINDCPPVFAKPLYEASLLLPTYKGVKVITVNATDADSSAFSQLIYSITEGNIGEKFSMDYK
TGALTVQNTTQLRSRYELTVRASDGRFAGLTSVKINVKESKESHLKFTQDVYSAVVKENSTEAETLAVITAIGNPINEPLFYHILNPDRRFKISRTSGVLSTTGTPFDREQQEAFDVVVEVTEEHKPSAVAHVVVKVI
VEDQNDNAPVFVNLPYYAVVKVDTEVGHVIRYVTAVDRDSGRNGEVHYYLKEHHEHFQIGPLGEISLKKQFELDTLNKEYLVTVVAKDGGNPAFSAEVIVPITVMNKAMPVFEKPFYSAEIAESIQVHSPVVHVQANS
PEGLKVFYSITDGDPFSQFTINFNTGVINVIAPLDFEAHPAYKLSIRATDSLTGAHAEVFVDIIVDDINDNPPVFAQQSYAVTLSEASVIGTSVVQVRATDSDSEPNRGISYQMFGNHSKSHDHFHVDSSTGLISLLR
TLDYEQSRQHTIFVRAVDGGMPTLSSDVIVTVDVTDLNDNPPLFEQQIYEARISEHAPHGHFVTCVKAYDADSSDIDKLQYSILSGNDHKHFVIDSATGIITLSNLHRHALKPFYSLNLSVSDGVFRSSTQVHVTVIG
GNLHSPAFLQNEYEVELAENAPLHTLVMEVKTTDGDSGIYGHVTYHIVNDFAKDRFYINERGQIFTLEKLDRETPAEKVISVRLMAKDAGGKVAFCTVNVILTDDNDNAPQFRATKYEVNIGSSAAKGTSVVKVLASD
ADEGSNADITYAIEADSESVKENLEINKLSGVITTKESLIGLENEFFTFFVRAVDNGSPSKESVVLVYVKILPPEMQLPKFSEPFYTFTVSEDVPIGTEIDLIRAEHSGTVLYSLVKGNTPESNRDESFVIDRQSGRL
KLEKSLDHETTKWYQFSILARCTQDDHEMVASVDVSIQVKDANDNSPVFESSPYEAFIVENLPGGSRVIQIRASDADSGTNGQVMYSLDQSQSVEVIESFAINMETGWITTLKELDHEKRDNYQIKVVASDHGEKIQL
SSTAIVDVTVTDVNDSPPRFTAEIYKGTVSEDDPQGGVIAILSTTDADSEEINRQVTYFITGGDPLGQFAVETIQNEWKVYVKKPLDREKRDNYLLTITATDGTFSSKAIVEVKVLDANDNSPVCEKTLYSDTIPEDV
LPGKLIMQISATDADIRSNAEITYTLLGSGAEKFKLNPDTGELKTSTPLDREEQAVYHLLVRATDGGGRFCQASIVLTLEDVNDNAPEFSADPYAITVFENTEPGTLLTRVQATDADAGLNRKILYSLIDSADGQFSI
NELSGIIQLEKPLDRELQAVYTLSLKAVDQGLPRRLTATGTVIVSVLDINDNPPVFEYREYGATVSEDILVGTEVLQVYAASRDIEANAEITYSIISGNEHGKFSIDSKTGAVFIIENLDYESSHEYYLTVEATDGGT
PSLSDVATVNVNVTDINDNTPVFSQDTYTTVISEDAVLEQSVITVMADDADGPSNSHIHYSIIDGNQGSSFTIDPVRGEVKVTKLLDRETISGYTLTVQASDNGSPPRVNTTTVNIDVSDVNDNAPVFSRGNYSVIIQ
ENKPVGFSVLQLVVTDEDSSHNGPPFFFTIVTGNDEKAFEVNPQGVLLTSSAIKRKKEKDHYLLQVKVADNGKPQLSSLTYIDIRVIEESIYPPAILPLEIFITSSGEEYSGGVIGKIHATDQDVYDTLTYSLDPQMDN
LFSVSSTGGKLIAHKKLDIGQYLLNVSVTDGKFTTVADITVHIRQVTQEMLNHTIAIRFANLTPEEFVGDYWRNFQRALRNILGVRRNDIQIVSLQSSEPHPHLDVLLFVEKPGSAQISTKQLLHKINSSVTDIEEII
GVRILNVFQKLCAGLDCPWKFCDEKVSVDESVMSTHSTARLSFVTPRHHRAAVCLCKEGRCPPVHHGCEDDPCPEGSECVSDPWEEKHTCVCPSGRFGQCPGSSSMTLTGNSYVKYRLTENENKLEMKLTMRLRTYST
HAVVMYARGTDYSILEIHHGRLQYKFDCGSGPGIVSVQSIQVNDGQWHAVALEVNGNYARLVLDQVHTASGTAPGTLKTLNLDNYVFFGGHIRQQGTRHGRSPQVGNGFRGCMDSIYLNGQELPLNSKPRSYAHIEES
VDVSPGCFLTATEDCASNPCQNGGVCNPSPAGGYYCKCSALYIGTHCEISVNPCSSKPCLYGGTCVVDNGGFVCQCRGLYTGQRCQLSPYCKDEPCKNGGTCFDSLDGAVCQCDSGFRGERCQSDIDECSGNPCLHGA
LCENTHGSYHCNCSHEYRGRHCEDAAPNQYVSTPWNIGLAEGIGIVVFVAGIFLLVVVFVLCRKMISRKKKHQAEPKDKHLGPATAFLQRPYFDSKLNKNIYSDIPPQVPVRPISYTPSIPSDSRNNLDRNSFEGSAI
PEHPEFSTFNPESVHGHRKAVAVCSVAPNLPPPPPSNSPSDSDSIQKPSWDFDYDTKVVDLDPCLSKKPLEEKPSQPYSARESLSEVQSLSSFQSESCDDNGYHWDTSDWMPSVPLPDIQEFPNYEVIDEQTPLYSAD
PNAIDTDYYPGGYDIESDFPPPPEDFPAADELPPLPPEFSNQFESIHPPRDMPAAGSLGSSSRNRQRFNLNQYLPNFYPLDMSEPQTKGTGENSTCREPHAPYPPGYQRHFEAPAVESMPMSVYASTASCSDVSACCE
VESEVMMSDYESGDDGHFEEVTIPPLDSQQHTEV

MW:505958.070
Digest Matches (Score: 36.71)
Score = 36.710000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = FAT1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 326 353.470 1058.548 27534.000 3+ -143.907 7 7 38.700 2554 - 2562 LDRETPAEK
MSMS 92 622.800 1244.659 157643.000 2+ -53.532 36 36 30.300 122 - 132 ALEKNTNVEAR
MSMS 168 664.780 1992.014 41050.000 3+ 156.432 29 16 33.100 669 - 686 LVNLQCEETGVAKMLAEK 14: Oxidation (M)
PUTATIVE FAM120A OPPOSITE STRAND PROTEIN OS=HOMO SAPIENS GN=FAM120AOS PE=5 SV=1 F120S_HUMAN
MGKTKDIGDDDTVASEFWSGALSQPSSVPTRPRTPNRDSWRRAWAARGLHPRPSILQPGPARLSRARAGGTRCPQRRHGRATFCALGRGIGVRRGPGPRPARIPGLTLTWKRMSARRMQWAMQTGGRNQTFGGGVPLF
WTWLTICCAVWRSLPCRLTHSCSRAFSSAPLKKTKSSMLPPKQALASAARNLCRGAGCNRQAVAGQLLPSTWSLHAHGLAKEAPILPVKKISRSCSVNNKVSKKTTKPPTLRSFLSPI

Digest Matches (Score: 36.65)
Score = 36.650000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = F120S_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 224 764.350 1527.831 54228.000 2+ -90.649 28 36 35.200 174 - 188 SSMLPPKQALASAAR

Abbildung 8-10: Mascot-Report Kontroll-Eluat (Leervektor) 3.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zwanzig identifizierten Proteine der Probe.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:58
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080429\Stephie_Probe48_BC4_01_857.d\Stephie_Probe48_BC4_01_857.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:

Parentmass:	0.000	Mass Error:	-1.008	MH+ (mono):	1.008
MH+ (avg):	1.008	Tolerance (Da):	0.500	Number of Peaks:	0
Above Threshold:	0	Assigned Peaks:	0		

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Keratin, type II cytoskeletal 1 OS=Homo sapiens GN=KRT1 PE=1 SV=6 K2C1_HUMAN
MSRQFSSRSGYRSGGGFSSGSAGIINYQRRTTSSSTRRSGGGGGRFSSCGGGGGSFGAGGGFGSRSLVNLGGSKSISISVARGGGRGSGFGGGYGGGGFGGGGFGGGGFGGGGIGGGGFGGFGSGGGGFGGGGFGGGG
YGGGYGPVCPPGGIQEVTINQSLLQPLNVEIDPEIQKVKSREREQIKSLNNQFASFIDKVRFLEQQNQVLQTKWELLQQVDTSTRTHNLEPYFESFINNLRRRVDQLKSDQSRLDSELKNMQDMVEDYRNKYEDEINK
RTNAENEFVTIKKDVDGAYMTKVDLQAKLDNLQQEIDFLTALYQAELSQMQTQISETNVILSMDNNRSLDLDSIIAEVKAQYEDIAQKSKAEAESLYQSKYEELQITAGRHGDSVRNSKIEISELNRVIQRLRSEIDN
VKKQISNLQQSISDAEQRGENALKDAKNKLNDLEDALQQAKEDLARLLRDYQELMNTKLALDLEIATYRTLLEGEESRMSGECAPNVSVSVSTSHTTISGGGSRGGGGGGYGSGGSSYGSGGGSYGSGGGGGGGRGSY
GSGGSSYGSGGGSYGSGGGGGGHGSYGSGSSSGGYRGGSGGGGGGSSGGRGSGGGSSGGSIGGRGSSSGGVKSSGGSSSVKFVSTTYSGVTR

MW:65999.000
Digest Matches (Score: 682.84)
Score = 682.840000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = K2C1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 145 437.720 874.499 1572646.000 2+ -76.161 278 43 25.800 66 - 74 SLVNLGGSK
MSMS 190 487.250 973.531 3554948.000 2+ -39.612 259 42 28.400 396 - 403 IEISELNR
MSMS 90 517.190 1033.516 3434840.000 2+ -138.769 58 50 22.700 484 - 492 TLLEGEESR
MSMS 64 563.210 1125.542 1003566.000 2+ -115.140 1023 69 21.600 367 - 376 AEAESLYQSK
MSMS 224 571.250 1141.519 2144780.000 2+ -23.368 515 63 29.700 464 - 472 DYQELMNTK
MSMS 209 590.260 1179.600 4711418.000 2+ -74.390 788 90 29.200 377 - 386 YEELQITAGR
MSMS 218 633.290 1265.637 2610552.000 2+ -50.975 2061 79 29.500 278 - 288 TNAENEFVTIK
MSMS 277 650.720 1300.530 1641527.000 2+ -74.570 768 62 32.100 258 - 267 NMQDMVEDYR
MSMS 481 651.840 1302.715 512689.000 2+ -32.555 4109 91 42.900 344 - 355 SLDLDSIIAEVK
MSMS 26 670.780 1340.669 336850.000 2+ -86.935 3072 98 18.600 365 - 376 SKAEAESLYQSK
MSMS 306 679.280 1357.696 2786307.000 2+ -105.425 4101 93 33.700 444 - 455 LNDLEDALQQAK
MSMS 377 692.320 1383.690 1332579.000 2+ -41.634 4097 80 36.700 186 - 197 SLNNQFASFIDK
MSMS 191 738.290 1475.785 5943443.000 2+ -144.115 3073 88 28.400 200 - 211 FLEQQNQVLQTK
MSMS 262 858.810 1716.851 1223527.000 2+ -138.919 4287 94 31.700 418 - 432 QISNLQQSISDAEQR
MSMS 260 573.100 1716.851 1241579.000 3+ 253.147 776 55 31.600 418 - 432 QISNLQQSISDAEQR

Keratin, type I cytoskeletal 9 OS=Homo sapiens GN=KRT9 PE=1 SV=3 K1C9_HUMAN
MSCRQFSSSYLSRSGGGGGGGLGSGGSIRSSYSRFSSSGGGGGGGRFSSSSGYGGGSSRVCGRGGGGSFGYSYGGGSGGGFSASSLGGGFGGGSRGFGGASGGGYSSSGGFGGGFGGGSGGGFGGGYGSGFGGFGGFG
GGAGGGDGGILTANEKSTMQELNSRLASYLDKVQALEEANNDLENKIQDWYDKKGPAAIQKNYSPYYNTIDDLKDQIVDLTVGNNKTLLDIDNTRMTLDDFRIKFEMEQNLRQGVDADINGLRQVLDNLTMEKSDLEM
QYETLQEELMALKKNHKEEMSQLTGQNSGDVNVEINVAPGKDLTKTLNDMRQEYEQLIAKNRKDIENQYETQITQIEHEVSSSGQEVQSSAKEVTQLRHGVQELEIELQSQLSKKAALEKSLEDTKNRYCGQLQMIQE
QISNLEAQITDVRQEIECQNQEYSLLLSIKMRLEKEIETYHNLLEGGQEDFESSGAGKIGLGGRGGSGGSYGRGSRGGSGGSYGGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSYGGGSGSGGGSGGGYGGGSGGGHSGGSGGGHSG
GSGGNYGGGSGSGGGSGGGYGGGSGSRGGSGGSHGGGSGFGGESGGSYGGGEEASGSGGGYGGGSGKSSHS

MW:62026.810
Digest Matches (Score: 633.23)
Score = 633.234615, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = K1C9_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 251 530.870 1060.563 1619196.000 2+ 159.895 255 44 31.200 225 - 233 TLLDIDNTR
MSMS 44 533.200 1065.499 1216330.000 2+ -100.129 254 56 20.100 155 - 163 STMQELNSR
MSMS 187 561.280 1121.584 1582618.000 2+ -27.622 147 38 28.200 328 - 336 QEYEQLIAK
MSMS 181 561.290 1121.584 2095387.000 2+ -9.774 147 51 27.800 328 - 336 QEYEQLIAK
MSMS 267 579.240 1157.591 2357054.000 2+ -102.198 14 74 32.000 251 - 261 QGVDADINGLR
MSMS 235 595.840 1190.609 1355696.000 2+ 53.960 266 48 30.500 262 - 271 QVLDNLTMEK
MSMS 34 616.750 1232.598 1371668.000 2+ -85.347 16423 108 19.300 14 - 29 SGGGGGGGLGSGGSIR
MSMS 20 618.240 1235.529 848467.000 2+ -45.367 4130 88 18.000 47 - 59 FSSSSGYGGGSSR
MSMS 206 436.550 1307.678 1003268.000 3+ -32.255 199 42 28.900 241 - 250 IKFEMEQNLR
MSMS 179 793.800 1586.766 2265991.000 2+ -109.022 10272 124 27.700 171 - 184 VQALEEANNDLENK
MSMS 16 896.220 1791.728 236839.000 2+ -164.762 1048600 107 17.600 491 - 513 GGSGGSYGGGGSGGGYGGGSGSR
MSMS 323 837.250 2510.132 1583833.000 3+ -157.941 8459 112 34.500 450 - 472 EIETYHNLLEGGQEDFESSGAGK
MSMS 220 724.580 2895.390 625311.000 4+ -31.762 27 27 29.600 291 - 317 NHKEEMSQLTGQNSGDVNVEINVAPGK
MSMS 4561088.630 3264.514 1226780.000 3+ -195.614 2203 99 41.000 340 - 368 DIENQYETQITQIEHEVSSSGQEVQSSAK

Keratin, type I cytoskeletal 10 OS=Homo sapiens GN=KRT10 PE=1 SV=6 K1C10_HUMAN
MSVRYSSSKHYSSSRSGGGGGGGGCGGGGGVSSLRISSSKGSLGGGFSSGGFSGGSFSRGSSGGGCFGGSSGGYGGLGGFGGGSFRGSYGSSSFGGSYGGIFGGGSFGGGSFGGGGFGGGGFGGGFGGGFGGGD
GGLLSGNEKVTMQNLNDRLASYLDKVRALEESNYELEGKIKEWYEKHGNSHQGEPRDYSKYYKTIDDLKNQILNLTTDNANILLQIDNARLAADDFRLKYENEVALRQSVEADINGLRRVLDELTLTKADLEMQIESL
TEELAYLKKNHEEEMKDLRNVSTGDVNVEMNAAPGVDLTQLLNNMRSQYEQLAEQNRKDAEAWFNEKSKELTTEIDNNIEQISSYKSEITELRRNVQALEIELQSQLALKQSLEASLAETEGRYCVQLSQIQAQISAL
EEQLQQIRAETECQNTEYQQLLDIKIRLENEIQTYRSLLEGEGSSGGGGRGGGSFGGGYGGGSSGGGSSGGGHGGGHGGSSGGGYGGGSSGGGSSGGGYGGGSSGGGHGGSSSGGYGGGSSGGGGGGYGGGSSGGGSS
SGGGYGGGSSSGGHKSSSSGSVGESSSKGPRY

MW:58791.690
Digest Matches (Score: 313.07)
Score = 313.072857, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = K1C10_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 265 516.390 1031.598 2452574.000 2+ 169.251 514 73 31.900 258 - 266 VLDELTLTK
MSMS 84 545.700 1090.531 3135162.000 2+ -126.876 273 61 22.500 148 - 156 VTMQNLNDR
MSMS 233 601.350 1201.617 1272099.000 2+ 62.968 526 57 30.500 246 - 256 QSVEADINGLR
MSMS 126 412.310 1234.679 2354870.000 3+ 191.688 136 39 24.700 236 - 245 LKYENEVALR
MSMS 107 683.230 1365.639 1796854.000 2+ -136.719 1537 99 23.700 323 - 333 SQYEQLAEQNR
MSMS 165 691.240 1381.648 4694673.000 2+ -127.036 4097 76 26.900 166 - 177 ALEESNYELEGK
MSMS 244 695.790 1390.681 1274134.000 2+ -77.792 3072 85 30.800 387 - 399 QSLEASLAETEGR
MSMS 486 789.940 2367.263 316539.000 3+ 229.405 35 17 43.500 208 - 228 NQILNLTTDNANILLQIDNAR

Keratin, type II cytoskeletal 2 epidermal OS=Homo sapiens GN=KRT2 PE=1 SV=2 K22E_HUMAN
MSCQISCKSRGRGGGGGGFRGFSSGSAVVSGGSRRSTSSFSCLSRHGGGGGGFGGGGFGSRSLVGLGGTKSISISVAGGGGGFGAAGGFGGRGGGFGGGSSFGGGSGFSGGGFGGGGFGGGRFGGFGGPGGVGGLGGP

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:58
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080429\Stephie_Probe48_BC4_01_857.d\Stephie_Probe48_BC4_01_857.mgf

GGFGPGGYPGGIHEVSVNQSLLQPLNVKVDPEIQNVKAQEREQIKTLNNKFASFIDKVRFLEQQNQVLQTKWELLQQMNVGTRPINLEPIFQGYIDSLKRYLDGLTAERTSQNSELNNMQDLVEDYKKKYEDEINKRT
AAENDFVTLKKDVDNAYMIKVELQSKVDLLNQEIEFLKVLYDAEISQIHQSVTDTNVILSMDNSRNLDLDSIIAEVKAQYEEIAQRSKEEAEALYHSKYEELQVTVGRHGDSLKEIKIEISELNRVIQRLQGEIAHVK
KQCKNVQDAIADAEQRGEHALKDARNKLNDLEEALQQAKEDLARLLRDYQELMNVKLALDVEIATYRKLLEGEECRMSGDLSSNVTVSVTSSTISSNVASKAAFGGSGGRGSSSGGGYSSGSSSYGSGGRQSGSRGGS
GGGGSISGGGYGSGGGSGGRYGSGGGSKGGSISGGGYGSGGGKHSSGGGSRGGSSSGGGYGSGGGGSSSVKGSSGEAFGSSVTFSFR

MW:65393.220
Digest Matches (Score: 138.34)
Score = 138.343333, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = K22E_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 190 487.250 973.531 3554948.000 2+ -39.612 259 42 28.400 394 - 401 IEISELNR
MSMS 221 597.330 1193.616 711446.000 2+ 30.733 647 68 29.600 375 - 384 YEELQVTVGR
MSMS 191 738.290 1475.785 5943443.000 2+ -144.115 3073 88 28.400 198 - 209 FLEQQNQVLQTK
Heat shock-related 70 kDa protein 2 OS=Homo sapiens GN=HSPA2 PE=1 SV=1 HSP72_HUMAN
MSARGPAIGIDLGTTYSCVGVFQHGKVEIIANDQGNRTTPSYVAFTDTERLIGDAAKNQVAMNPTNTIFDAKRLIGRKFEDATVQSDMKHWPFRVVSEGGKPKVQVEYKGETKTFFPEEISSMVLTKMKEIAEAYLGG
KVHSAVITVPAYFNDSQRQATKDAGTITGLNVLRIINEPTAAAIAYGLDKKGCAGGEKNVLIFDLGGGTFDVSILTIEDGIFEVKSTAGDTHLGGEDFDNRMVSHLAEEFKRKHKKDIGPNKRAVRRLRTACERAKRT
LSSSTQASIEIDSLYEGVDFYTSITRARFEELNADLFRGTLEPVEKALRDAKLDKGQIQEIVLVGGSTRIPKIQKLLQDFFNGKELNKSINPDEAVAYGAAVQAAILIGDKSENVQDLLLLDVTPLSLGIETAGGVMT
PLIKRNTTIPTKQTQTFTTYSDNQSSVLVQVYEGERAMTKDNNLLGKFDLTGIPPAPRGVPQIEVTFDIDANGILNVTAADKSTGKENKITITNDKGRLSKDDIDRMVQEAERYKSEDEANRDRVAAKNALESYTYNI
KQTVEDEKLRGKISEQDKNKILDKCQEVINWLDRNQMAEKDEYEHKQKELERVCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD

MW:69977.870
Digest Matches (Score: 113.03)
Score = 113.030000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = HSP72_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 380 830.350 1659.895 4321800.000 2+ -122.037 9228 113 36.900 173 - 188 IINEPTAAAIAYGLDK
MSMS 4411077.650 3231.522 17728628.000 3+ -181.661 17 13 40.000 605 - 639 VCNPIISKLYQGGPGGGSGGGGSGASGGPTIEEVD 2: Carbamidomethyl (C)
Keratin, type I cytoskeletal 14 OS=Homo sapiens GN=KRT14 PE=1 SV=4 K1C14_HUMAN
MTTCSRQFTSSSSMKGSCGIGGGIGGGSSRISSVLAGGSCRAPSTYGGGLSVSSSRFSSGGACGLGGGYGGGFSSSSSSFGSGFGGGYGGGLGAGLGGGFGGGFAGGDGLLVGSEKVTMQNLNDRLASYLDKVRALEE
ANADLEVKIRDWYQRQRPAEIKDYSPYFKTIEDLRNKILTATVDNANVLLQIDNARLAADDFRTKYETELNLRMSVEADINGLRRVLDELTLARADLEMQIESLKEELAYLKKNHEEEMKEFSNQVVGQVNVEMDATPGIDLTRVLAE
GVDLSRILNEMRDQYEKMAEKNRKDAEEWFFTKTEELNREVATNSELVQSGKSEISELRRTMQNLEIELQSQLSMKASLENSLEETKGRYCMQLAQIQEMIGSVEEQLAQLRCEMEQQNQEYKILLDVKTRLEQEIAT
YRRLLEGEDAHLSSSQFSSGSQSSRDVTSSSRQIRTKVMDVHDGKVVSTHEQVLRTKN

MW:51529.380
Digest Matches (Score: 101.08)
Score = 101.080000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = K1C14_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 84 545.700 1090.531 3135162.000 2+ -126.876 273 61 22.500 117 - 125 VTMQNLNDR
MSMS 176 651.300 1301.658 702858.000 2+ -50.412 4100 70 27.700 135 - 146 ALEEANADLEVK
Keratin, type I cytoskeletal 13 OS=Homo sapiens GN=KRT13 PE=1 SV=4 K1C13_HUMAN
MSLRLQSSSASYGGGFGGGSCQLGGGRGVSTCSTRFVSGGSAGGYGGGVSCGFGGGAGSGFGGGYGGGLGGGYGGGLGGGFGGGFAGGFVDFGACDGGLLTGNEKITMQNLNDRLASYLEKVRALEEANADLEVKIRD
WHLKQSPASPERDYSPYYKTIEELRDKILTATIENNRVILEIDNARLAADDFRLKYENELALRQSVEADINGLNRVLDELTLSKTDLEMQIESLNEELAYMKKNHEEEMKEFSNQVVGQVNVEMDATPGIDLTRVLAE
MREQYEAMAERNRRDAEEWFHTKSAELNKEVSTNTAMIQTSKTEITELRRTLQGLEIELQSQLSMKAGLENTVAETECRYALQLQQIQGLISSIEAQLSELRSEMECQNQEYKMLLDIKTRLEQEIATYRSLLEGQDA
KMIGFPSSAGSVSPRSTSVTTTSSASVTTTSNASGRRTSDVRRP

MW:49557.380
Digest Matches (Score: 98.14)
Score = 98.140000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = K1C13_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 233 601.350 1201.617 1272099.000 2+ 62.968 526 57 30.500 202 - 212 QSVEADINGLR
MSMS 176 651.300 1301.658 702858.000 2+ -50.412 4100 70 27.700 124 - 135 ALEEANADLEVK
Keratin, type II cytoskeletal 6B OS=Homo sapiens GN=KRT6B PE=1 SV=5 K2C6B_HUMAN
MASTSTTIRSHSSSRRGFSANSARLPGVSRSGFSSISVSRSRGSGGLGGACGGAGFGSRSLYGLGGSKRISIGGGSCAISGGYGSRAGGSYGFGGAGSGFGFGGGAGIGFGLGGGAGLAGGFGGPGFPVCPPGGIQEV
TVNQSLLTPLNLQIDPAIQRVRAEEREQIKTLNNKFASFIDKVRFLEQQNKVLDTKWTLLQEQGTKTVRQNLEPLFEQYINNLRRQLDNIVGERGRLDSELRNMQDLVEDLKNKYEDEINKRTAAENEFVTLKKDVDA
AYMNKVELQAKADTLTDEINFLRALYDAELSQMQTHISDTSVVLSMDNNRRNLDLDSIIAEVKAQYEEIAQRSRAEAESWYQTKYEELQITAGRHGDDLRNTKQEIAEINRMIQRLRSEIDHVKKQCANLQAAIADAEQ
RGEMALKDAKNKLEGLEDALQKAKQDLARLLKEYQELMNVKLALDVEIATYRKLLEGEECRLNGEGVGQVNISVVQSTVSSGYGGASGVGSGLGLGGGSSYSYGSGLGVGGGFSSSSGRATGGGLSSVGGGSSTIKYT
TTSSSSRKSYKH

MW:60030.290
Digest Matches (Score: 90.03)
Score = 90.030000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = K2C6B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 209 590.260 1179.600 4711418.000 2+ -74.390 788 90 29.200 360 - 369 YEELQITAGR
MSMS 411 834.340 1667.767 544256.000 2+ -56.386 22 10 38.500 41 - 59 SRGSGGLGGACGGAGFGSR 11: Carbamidomethyl (C)
Thrombospondin type-1 domain-containing protein 7A OS=Homo sapiens GN=THSD7A PE=1 SV=4 THS7A_HUMAN
MGLQARRWASGSRGAAGPRRGVLQLLPLPLPLPLLLLLLLRPGAGRAAAQGEAEAPTLYLWKTGPWGRCMGDECGPGGIQTRAVWCAHVEGWTTLHTNCKQAERPNNQQNCFKVCDWHKELYDWRLGPWNQCQPVISK
SLEKPLECIKGEEGIQVREIACIQKDKDIPAEDIICEYFEPPKPLLEQACLIPCQQDCIVSEFSAWSECSKTCGSGLQHRTRHVVAPPQFGGSGCPNLTEFQVCQSSPCEAEELRYSLHVGPWSTCSMPHSRQVRQARR
RGKNKEREKDRSKGVKDPEARELIKKKRNRNRQNRQENKYWDIQIGYQTREVMCINKTGKAADLSFCQQEKLPMTFQSCVITTKECQVSEWSEWSPCSKTCHDMVSPAGTRVRTRTIRQFPIGSEKECPEPEEKEPCLS
QGDGVVPCATYGWRTTEWTECRVDPLLSQQDKRRGNQTALCGGGIQTREVYCVQANENLLSQLSTHKNKEASKPMDLKLCTGPIPNTTQLCHIPCPTECEVSPWSAWGPCTYENCNDQQGKKGFKLRKRRITNEPTGG
SGVTGNCPHLLEAIPCEEPACYDWKAVRLGNCEPDNGKECGPGTQVQEVVCINSDGEEVDRQLCRDAIFPIPVACDAPCPKDCVLSTWSTWSSCSHTCSGKTTEGKQIRARSILAYAGEEGGIRCPNSSALQEVRSCN
EHPCTVYHWQTGPWGQCIEDTSVSSFNTTTTWNGEASCSVGMQTRKVICVRVNVGQVGPKKCPESLRPETVRPCLLPCKKDCIVTPYSDWTSCPSSCKEGDSSIRKQSRHRVIIQLPANGGRDCTDPLYEEKACEAPQ
ACQSYRWKTHKWRRCQLVPWSVQQDSPGAQEGCGPGRQARAITCRKQDGGQAGIHECLQYAGPVPALTQACQIPCQDDCQLTSWSKFSSCNGDCGAVRTRKRTLVGKSKKKEKCKNSHLYPLIETQYCPCDKYNAQPV
GNWSDCILPEGKVEVLLGMKVQGDIKECGQGYRYQAMACYDQNGRLVETSRCNSHGYIEEACIIPCPSDCKLSEWSNWSRCSKSCGSGVKVRSKWLREKPYNGGRPCPKLDHVNQAQVYEVVPCHSDCNQYLWVTEPW
SICKVTFVNMRENCGEGVQTRKVRCMQNTADGPSEHVEDYLCDPEEMPLGSRVCKLPCPEDCVISEWGPWTQCVLPCNQSSFRQRSADPIRQPADEGRSCPNAVEKEPCNLNKNCYHYDYNVTDWSTCQLSEKAVCGN
GIKTRMLDCVRSDGKSVDLKYCEALGLEKNWQMNTSCMVECPVNCQLSDWSPWSECSQTCGLTGKMIRRRTVTQPFQGDGRPCPSLMDQSKPCPVKPCYRWQYGQWSPCQVQEAQCGEGTRTRNISCVVSDGSADDFS
KVVDEEFCADIELIIDGNKNMVLEESCSQPCPGDCYLKDWSSWSLCQLTCVNGEDLGFGGIQVRSRPVIIQELENQHLCPEQMLETKSCYDGQCYEYKWMASAWKGSSRTVWCQRSDGINVTGGCLVMSQPDADRSCN
PPCSQPHSYCSETKTCHCEEGYTEVMSSNSTLEQCTLIPVVVLPTMEDKRGDVKTSRAVHPTQPSSNPAGRGRTWFLQPFGPDGRLKTWVYGVAAGAFVLLIFIVSMIYLACKKPKKPQRRQNNRLKPLTLAYDGDAD
M

MW:185241.020
Digest Matches (Score: 65.19)
Score = 65.190000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = THS7A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 106 575.270 1149.495 3911848.000 2+ 32.574 72 48 23.700 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 105 383.930 1149.495 2806647.000 3+ 243.916 47 47 23.600 1116 - 1125 ENCGEGVQTR 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 353 737.970 2212.104 113830504.000 3+ -94.100 24 28 35.700 752 - 769 CPESLRPETVRPCLLPCK 1: Carbamidomethyl (C) 13: Carbamidomethyl (C) 17: Carbamidomethyl (C)
MSMS 383 738.010 2212.104 6380698.000 3+ -39.829 44 19 37.100 752 - 769 CPESLRPETVRPCLLPCK 1: Carbamidomethyl (C) 13: Carbamidomethyl (C) 17: Carbamidomethyl (C)
MSMS 484 738.140 2212.104 560924.000 3+ 136.554 44 18 43.400 752 - 769 CPESLRPETVRPCLLPCK 1: Carbamidomethyl (C) 13: Carbamidomethyl (C) 17: Carbamidomethyl (C)
MSMS 487 814.400 2441.040 1086265.000 3+ 59.713 15 19 43.700 1343 - 1363 WQYGQWSPCQVQEAQCGEGTR
Keratin, type I cytoskeletal 24 OS=Homo sapiens GN=KRT24 PE=1 SV=1 K1C24_HUMAN
MSCSSRASSSRAGGSSSARVSAGGSSFSSGSRCGLGGSSAQGFRGGASSCSLSGGSSGAFGGSFGGGFGSCSVGGGFGGASGSGTGFGGGSSFGGVSGFGRGSGFCGSSRFSSGATGGFYSYGGGMGGGVGDGGLFSG
GEKQTMQNLNDRLANYLDKVRALEEANTDLENKIKEWYDKYGPGSGDGGSGRDYSKYYSIIEDLRNQIIAATVENAGIILHIDNARLAADDFRLKYENELCLRQSVEADINGLRKVLDDLTMTRSDLEMQIESFTEEL
AYLRKNHEEEMKNMQGSSGGEVTVEMNAAPGTDLTKLLNDMRAQYEELAEQNRREAEERFNKQSASLQAQISTDAGAATSAKNEITELKRTLQALEIELQSQLAMKSSLEGTLADTEAGYVAQLSEIQTQISALEEEI
CQIWGETKCQNAEYKQLLDIKTRLEVEIETYRRLLDGEGGGSSFAEFGGRNSGSVNMGSRDLVSGDSRGSCSGQGRDSSKTRVTKTIVEELVDGKVVSSQVSSISEVKVK

MW:55053.440
Digest Matches (Score: 57.99)

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:58
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080429\Stephie_Probe48_BC4_01_857.d\Stephie_Probe48_BC4_01_857.mgf

Score = 57.990000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = K1C24_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 233 601.350 1201.617 1272099.000 2+ 62.968 526 57 30.500 242 - 252 QSVEADINGLR
MSMS 86 541.680 1622.821 1818319.000 3+ 126.290 7 7 22.600 423 - 435 CQNAEYKQLLDIK 1: Carbamidomethyl (C)
HIRA-interacting protein 3 OS=Homo sapiens GN=HIRIP3 PE=1 SV=3 HIRP3_HUMAN
MAREKEMQEFTRSFFRGRPDLSTLTHSIVRRRYLAHSGRSHLEPEEKQALKRLVEEELLKMQVDEAASREDKLDLTKKGKRPPTPCSDPERKRFRFNSESESGSEASSPDYFGPPAKNGVAAEVSPAKEENPRRASKA
VEESSDEERQRDLPAQRGEESSEEEEKGYKGKTRKKPVVKKQAPGKASVSRKQAREESEESEAEPVQRTAKKVEGNKGTKSLKESEQESEEEILAQKKEQREEEVEEEEKEEDEEKGDWKPRTRSNGRRKSAREERSC
KQKSQAKRLLGDSDSEEEQKEAASSGDDSGRDREPPVQRKSEDRTQLKGGKRLSGSSEDEEDSGKGEPTAKGSRKMARLGSTSGEESDLEREVSDSEAGGGPQGERKNRSSKKSSRKGRTRSSSSSSDGSPEAKGGKA
GSGRRGEDHPAVMRLKRYIRACGAHRNYKKLLGSCCSHKERLSILRAELEALGMKGTPSLGKCRALKEQREEAAEVASLDVANIISGSGRPRRRTAWNPLGEAAPPGELYRRTLDSDEERPRPAPPDWSHMRGIISSD
GESN

MW:61919.950
Digest Matches (Score: 49.07)
Score = 49.070000, Rank = 11, Database = SwissProt, Accesskey = HIRP3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 106 575.270 1149.479 3911848.000 2+ 46.498 523 49 23.700 240 - 248 EEEVEEEEK
MSMS 105 383.930 1149.479 2806647.000 3+ 257.843 44 30 23.600 240 - 248 EEEVEEEEK
Protein SON OS=Homo sapiens GN=SON PE=1 SV=4 SON_HUMAN
MATNIEQIFRSFVVSKFREIQQELSSGRNEGQLNGETNTPIEGNQAGDAAASARSLPNEEIVQKIEEVLSGVLDTELRYKPDLKEGSRKSRCVSVQTDPTDEIPTKKSKKHKKHKNKKKKKKKEKEKKYKRQPEESES
KTKSHDDGNIDLESDSFLKFDSEPSAVALELPTRAFGPSETNESPAVVLEPPVVSMEVSEPHILETLKPATKTAELSVVSTSVISEQSEQSVAVMPEPSMTKILDSFAAAPVPTTTLVLKSSEPVVTMSVEYQMKSVL
KSVESTSPEPSKIMLVEPPVAKVLEPSETLVVSSETPTEVYPEPSTSTTMDFPESSAIEALRLPEQPVDVPSEIADSSMTRPQELPELPKTTALELQESSVASAMELPGPPATSMPELQGPPVTPVLELPGPSATPVP
ELPGPLSTPVPELPGPPATAVPELPGPSVTPVPQLSQELPGLPAPSMGLEPPQEVPEPPVMAQELPGLPLVTAAVELPEQPAVTVAMELTEQPVTTTELEQPVGMTTVEHPGHPEVTTATGLLGQPEATMVLELPGQP
VATTALELPGQPSVTGVPELPGLPSATRALELSGQPVATGALELPGPLMAAGALEFSGQSGAAGALELLGQPLATGVLELPGQPGAPELPGQPVATVALEISVQSVVTTSELSTMTVSQSLEVPSTTALESYNTVAQE
LPTTLVGETSVTVGVDPLMAPESHILASNTMETHILASNTMDSQMLASNTMDSQMLASNTMDSQMLASNTMDSQMLASSTMDSQMLATSSMDSQMLATSSMDSQMLATSTMDSQMLATSSMDSQMLATSSMDSQMLAT
SSMDSQMLATSTMDSQMLATSTMDSQMLATSSMDSQMLASGTMDSQMLASGTMDAQMLASGTMDAQMLASSTQDSAMLGSKSPDPYRLAQDPYRLGHDPYRLGHDAYRLGQDPYRLGHDPYRLTPDPYRMS
PRPYRIAPRSYRIAPRPYRLAPRPLMLASRRSMMMSYAAERSMMSSYERSMMSYERSMMSPMAERSMMSAYERSMMSAYERSMMSPMAERSMMSAYERSMMSAYERSMMSPMADRSMMSMGADRSMMSSYSAADRSMM
SSYSAADRSMMSSYTADRSMMSMAADSYTDSYTDTYTEAYMVPPLPPEEPPTMPPLPPEEPPMTPPLPPEEPPEGPALPTEQSALTAENTWPTEVPSSPSEESVSQPEPPVSQSEISEPSAVPTDYSVSASDPSVLVS
EAAVTVPEPPPEPESSITLTPVESAVVAEEHEVVPERPVTCMVSETPAMSAEPTVLASEPPVMSETAETFDSMRASGHVASEVSTSLLVPAVTTPVLAESILEPPAMAAPESSAMAVLESSAVTVLESSTVTVLESST
VTVLEPSVVTVPEPPVVAEPDYVTIPVPVVSALEPSVPVLEPAVSVLQPSMIVSEPSVSVQESTVTVSEPAVTVSEQTQVIPTEVAIESTPMILESSIMSSHVMKGINLSSGDQNLAPEIGMQEIALHSGEEPHAEEH
LKGDFYESEHGINIDLNINNHLIAKEMEHNTVCAAGTSPVGEIGEEKILPTSETKQRTVLDTYPGVSEADAGETLSSTGPFALEPDATGTSKGIEFTTASTLSLVNKYDVDLSLTTQDTEHDMVISTSPSGGSEADIE
GPLPAKDIHLDLPSNNNLVSKDTEEPLPVKESDQTLAALLSPKESSGGEKEVPPPPKETLPDSGFSANIEDINEADLVRPLLPKDMERLTSLRAGIEGPLLASDVGRDRSAASPVVSSMPERASESSSEEKDDYEIFV
KVKDTHEKSKKNKNRDKGEKEKKRDSSLRSRSKRSKSSEHKSRKRTSESRSRARKRSSKSKSHRSQTRSRSRSRRRRSSRSRSKSRGRRSVSKERKRKSPKHRSKSRERKKRKRSSSRDNRKTVRARSRTPSRRSRSH
TPSRRRRSRSVGRRRSFSISPSRRSRTPSRRSRTPSRRSRTPSRRSRTPSRRSRTPSRRRRSRSVVRRRSFSISPVRLRRSRTPLRRRFSRSPIRRKRSRSSERGRSPKRLTDLDKAQLLEIAKANAAAMC
AKAGVPLPPNLKPAPPPTIEEKVAKKSGGATIEELTEKCKQIAQSKEDDDVIVNKPHVSDEEEEEPPFYHHPFKLSEPKPIFFNLNIAAAKPTPPKSQVTLTKEFPVSSGSQHRKKEADSVYGEWVPVEKNGEENKDD
DNVFSSNLPSEPVDISTAMSERALAQKRLSENAFDLEAMSMLNRAQERIDAWAQLNSIPGQFTGSTGVQVLTQEQLANTGAQAWIKKDQFLRAAPVTGGMGAVLMRKMGWREGEGLGKNKEGNKEPILVDFKTDRKGL
VAVGERAQKRSGNFSAAMKDLSGKHPVSALMEICNKRRWQPPEFLLVHDSGPDHRKHFLFRVLRNGALTRPNCMFFLNRY

MW:263663.560
Digest Matches (Score: 47.57)
Score = 47.570000, Rank = 12, Database = SwissProt, Accesskey = SON_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 58 466.160 931.484 2210744.000 2+ -184.409 84 47 21.100 2320 - 2328 EGEGLGKNK
MSMS 234 707.830 1414.682 697456.000 2+ -20.507 5 8 30.500 2371 - 2382 HPVSALMEICNK 7: Oxidation (M) 10: Carbamidomethyl (C)
MSMS 194 880.750 1760.874 1712696.000 2+ -216.368 22 24 28.500 92 - 107 CVSVQTDPTDEIPTKK
MSMS 382 808.680 2423.957 6694259.000 3+ 28.244 12 16 37.000 1091 - 1112 SMMSSYSAADRSMMSSYSAADR 13: Oxidation (M) 14: Oxidation (M)
SORTING NEXIN-6 OS=HOMO SAPIENS GN=SNX6 PE=1 SV=1 SNX6_HUMAN
MMEGLDDGPDFLSEEDRGLKAINVDLQSDAALQVDISDALSERDKVKFTVHTKSSLPNFKQNEFSVVRQHEEFIWLHDSFVENEDYAGYIIPPAPPRPDFDASREKLQKLGEGEGSMTKEEFTKMKQELEAEYLAIFK
KTVAMHEVFLCRVAAHPILRRDLNFHVFLEYNQDLSVRGKNKKEKLEDFFKNMVKSADGVIVSGVKDVDDFFEHERTFLLEYHNRVKDASAKSDRMTRSHKSAADDYNRIGSSLYALGTQDSTDICKFFLKVSELFDK
TRKIEARVSADEDLKLSDLLKYYLRESQAAKDLLYRRSRSLVDYENANKALDKARAKNKDVLQAETSQQLCCQKFEKISESAKQELIDFKTRRVAAFRKNLVELAELELKHAKGNLQLLQNCLAVLNGDT

Digest Matches (Score: 46.73)
Score = 46.730000, Rank = 13, Database = SwissProt, Accesskey = SNX6_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 106 575.270 1149.626 3911848.000 2+ -81.411 50 40 23.700 360 - 368 QELIDFKTR
MSMS 105 383.930 1149.626 2806647.000 3+ 129.907 56 37 23.600 360 - 368 QELIDFKTR
Tripartite motif-containing protein 54 OS=Homo sapiens GN=TRIM54 PE=1 SV=3 TRI54_HUMAN
MNFTVGFKPLLGDAHSMDNLEKQLICPICLEMFSKPVVILPCQHNLCRKCANDVFQASNPLWQSRGSTTVSSGGRFRCPSCRHEVVLDRHGVYGLQRNLLVENIIDIYKQESSRPLHSKAEQHLMCEEHEEEKINIYC
LSCEVPTCSLCKVFGAHKDCEVAPLPTIYKRQKSELSDGIAMLVAGNDRVQAVITQMEEVCQTIEDNSRRQKQLLNQRFESLCAVLEERKGELLQALAREQEEKLQRVRGLIRQYGDHLEASSKLVESAIQSMEEPQM
ALYLQQAKELINKVGAMSKVELAGRPEPGYESMEQFTVRVEHVAEMLRTIDFQPGASGEEEEVAPDGEEGSAGPEEERPDGP

MW:40274.870
Digest Matches (Score: 46.72)
Score = 46.720000, Rank = 14, Database = SwissProt, Accesskey = TRI54_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 180 549.830 1098.663 7245693.000 2+ -9.299 544 46 27.800 228 - 237 KGELLQALAR
RIB43A-like with coiled-coils protein 1 OS=Homo sapiens GN=RIBC1 PE=2 SV=1 RIBC1_HUMAN
MYNIKQSTDTKEAAAIEARRNREKERQNRFFNVRNRVMGVDVQALNNQVGDRKRREAAERSKEAAYGTSQVQYDVVVQMLEKEEADRTRQLAKKVQEFREQKQQLKNGREFSLWDPGQVWKGLPTYLSYSNTYPGPAS
LQYFSGEDLDRDTRLRMQQGQFRYNLERQQQEQQQAKVDENYTDALSNQLRLAMDAQATHLARLEESCRAAMMCAMANANKAQAAVQAGRQRCERQREQKANLAEIQHQSTSDLLTENPQVAQHPMAPYRVLPYCWKG
MTPEQQAAIRKEQEVQRSKKQAHRQAEKTLDTEWKSQTMSSAQAVLELEEQERELCAVFQRGLGSFNQQLANEQKAQQDYLNSVIYTNQPTAQYHQQFNTSSR

MW:43987.720
Digest Matches (Score: 46.63)
Score = 46.630000, Rank = 15, Database = SwissProt, Accesskey = RIBC1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 37 502.290 1003.517 1266945.000 2+ 55.909 38 46 19.400 288 - 295 EQEVQRSK
CHOLINE-PHOSPHATE CYTIDYLYLTRANSFERASE B OS=HOMO SAPIENS GN=PCYT1B PE=1 SV=1 PCY1B_HUMAN
MPVVTTDAESETGIPKSLSNEPPSETMEEIEHTCPQPRLTLTAPAPFADETNCQCQAPHEKLTIAQARLGTPADRPVRVYADGIFDLFHSGHARALMQAKTLFPNSYLLVGVCSDDLTHKFKGFTVMNEAERYEALRH
CRYVDEVIRDAPWTLTPEFLEKHKIDFVAHDDIPYSSAGSDDVYKHIKEAGMFVPTQRTEGISTSDIITRIVRDYDVYARRNLQRGYTAKELNVSFINEKRYRFQNQVDKMKEKVKNVEERSKEFVNRVEEKSHDLIQ
KWEEKSREFIGNFLELFGPDGAWKQMFQERSSRMLQALSPKQSPVSSPTRSRSPSRSPSPTFSWLPLKTSPPSSPKAASASISSMSEGDEDEK

Digest Matches (Score: 45.67)
Score = 45.670000, Rank = 16, Database = SwissProt, Accesskey = PCY1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 106 575.270 1149.590 3911848.000 2+ -49.728 46 45 23.700 262 - 270 EFVNRVEEK
MSMS 386 970.770 1939.959 3308907.000 2+ 295.958 15 19 37.200 284 - 300 EFIGNFLELFGPDGAWK
Zinc finger protein ZIC 2 OS=Homo sapiens GN=ZIC2 PE=1 SV=2 ZIC2_HUMAN
MLLDAGPQFPAIGVGSFARHHHHSAAAAAAAAAEMQDRELSLAAAQNGFVDSAAAHMGAFKLNPGAHELSPGQSSAFTSQGPGAYPGSAAAAAAAAALGPHAAHVGSYSGPPFNSTRDFLFRSRGFGDSAPGGGQHGL
FGPGAGGLHHAHSDAQGHLLFPGLPEQHGPHGSQNVLNGQMRLGLPGEVFGRSEQYRQVASPRTDPYSAAQLHNQYGPMNMNMGMNMAAAAAHHHHHHHHPGAFFRYMRQQCIKQELICKWIDPEQLSNPKKSCNKT
FSTMHELVTHVSVEHVGGPEQSNHVCPWEECPREGKPFKAKYKLVNHIRVHTGEKPPPCPFPGCGKVFARSENLKIHKRTHTGEKPFQCEFEGCDRRFANSSDRKKHMVHTSDKPYLCKMCDKSYTHPSSLRKHMKV
HESSPQGSESSPAASSGYESSTPPGLVSPSAEPQSSSNLSPAAAAAAAAAAAAAAAVSAVHRGGGSGSGGAGGGSGGGSGSGGGGGGAGGGGGGSGGGSGTAGGHSGLSSNFNEWYV

MW:54971.100
Digest Matches (Score: 45.52)
Score = 45.520000, Rank = 17, Database = SwissProt, Accesskey = ZIC2_HUMAN

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:58
FileName: H:\Bruker-II_F-disk\Stephie\080429\Stephie_Probe48_BC4_01_857.d\Stephie_Probe48_BC4_01_857.mgf

Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 239 654.900 1963.011 1323165.000 3+ -165.726 13 17 30.600 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)
MSMS 203 654.910 1963.011 11048927.000 3+ -150.435 18 34 28.900 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)
MSMS 203 654.910 1963.011 11048927.000 3+ -150.435 18 26 28.900 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)
MSMS 369 654.920 1963.011 802628.000 3+ -135.145 48 23 36.400 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)
MSMS 154 654.990 1963.011 137150544.000 3+ -28.111 22 41 26.100 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)
MSMS 210 982.210 1963.011 1077740.000 2+ 204.955 24 19 29.200 1 - 19 MLLDAGPQFPAIGVGSFAR 1: Oxidation (M)

Uncharacterized protein C11orf57 OS=Homo sapiens GN=C11orf57 PE=1 SV=2 CK057_HUMAN
MSRIPLGKVLLRNVIRHTDAHNKIQEESDMWKIRELEKQMEDAYRGTKRKMLPSSSSRMRSDGFDEESQRYYWRPKNEISGTLEDDFLKAKSWNKKFYDYEANMPDRWGHSGYKELYPEEFETDSDQQDITNGKKTSP
QVKSSTHESRKHKKSKKSHKKKQKKRSHKKQKKSKKEATDITADSSSEFSEETGASGTRKGKQPHKRKKKSRKKSLKKPALFLEAESNTSHSDDSASSSSEESEERDTKKTKRKKREKKAHTSVANNEIQERTNKRTN
WKVATDERSAESSEDD

MW:34089.220
Digest Matches (Score: 44.88)
Score = 44.880000, Rank = 18, Database = SwissProt, Accesskey = CK057_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 21 607.760 1214.547 207132.000 2+ -28.241 47 44 18.300 39 - 48 QMEDAYRGTK 2: Oxidation (M)

HEAT repeat-containing protein 5B OS=Homo sapiens GN=HEATR5B PE=1 SV=2 HTR5B_HUMAN
MELAHSLLLNEEALAQITEAKRPVFIFEWLRFLDKVLVAANKTDVKEKQKKLVEQLTGLISSSPGPPTRKLLAKNLAALYSIGDTFTVFQTLDKCNDIIRNKDDTAAYLPTKLAAVACVGAFYEKMGRMLGSAFPETV
NNLLKSLKSAESQGRSEILMSLQKVLSGLGGAAASSHRDIYKNARSLLTDRSMAVRCAVAKCLLELQNEAVFMWTAELENIATLCFKALENSNYGVRVAVSKLLGTVMATALMPKQATVMRQNVKRATFDEVLELMAT
GFLRGGSGFLKSGGEMLKVGGSVNREVRVGVTQAYVVFVTTLGGQWLERSFATFLSHVLDLVSHPRATQTHVEAVYSRRCVSFILRATVGSLLGEKAQIAAAKEICQAIGKQMKAVEAVVNDTSGENKSGAADIAASQ
HVMVCALQELGSLVQSLNATASPLIQEASIGLLEIVTSVLLHPSMAARLAAAWCLRCVAVALPFQLTPFLDRCAERLNNLKTSPEAVSGYSFAMAALLGGVHQCPLGIPHAKGKMVVSIAEDLLRTAAQNSRLSLQRT
QAGWLLLGALMTLGPSVVRYHLPKMLLLWRNVFPRSLKELEAEKARGDSFTWQVTLEGRAGALCAMRSFVAHCPELLTEDVIRKLMTPIECAMTMMSHIPSVMKAHGAHLKASAAMVRLRLYDILALLPPKTYEGSFN
ALLRELVAEFTLTDNSANTTTSLLRSLCHYDDSVLLGSWLQETDHKSIEDQLQPNSASGSGALEHDPSSIYLRIPAGEAVPGPLPLGVSVIDASVALFGVVFPHVSYKHRLQMLDHFAECVKQAKGVRQQAVQLNIFT
AVLSALKGLAENKSTLGPEEVRKSALTLVMGPLDNPNPILRCAAGEALGRMAQVVGEATFIARMAQYSFDKLKSARDVVSRTGHSLALGCLHRYVGGIGSGQHLKTSVSILLALAQDGTSPEVQTWSLHSLALIVDSS
GPMYRGYVEPTLSLVLTLLLTVPPSHTEVVHQCLGRCLGAIITTVGPELQGNGATTSTIRSSCLVGCALTQDHSDSLVQAAAISCLQQLHMFAPRHVNLSSLVPSLCVHLCSSHLLRRAAVACLRQLAQREAAEVCEY
AMSLAKNTGDKESSSANVSPFAPGVSSRTDIHCRHQGVNITETGLEGLLFGMLDRETDRKLCSDIHDTLGHMLSSLAVEKLSHWLMLCKDVLAASSDMSTATLLSSGKDEEAEKKDEMDDDTMFTTLGEEDKSKPFVA
PRWATRVFAADCLCRIINLCENADQAHFDLALARSAKLRNPTNDLLVLHLSDLIRMAFMAATDHSNQLRMAGLQALEDIIKKFASVPEPEFPGHVILEQYQANVGAALRPAFSQDTPSDIIAKACQVCSTWIGSGVVS
DLNDLRRVHNLLVSSLDKVQAGKGSSSQLYRESATTMEKLAVLKAWAEVYVVAMNIKKEAESKPKRAIKNTDDDDDDCGTIDELPPDSLITLVQPELPTLSRLWLAALKDYALLTLPAEFSSQLPPDGGAFYTPETID
TARLHYRNSWAPILHAVALWLNSTGFTCSESTEAAAISGLQKRSTSVNLNQASGAVGSAKSLPEINKDRMHLILGVSIQFLCSPRPEEPIEHVTACLQALHTLLDSPYARVHIAEDQLIGVELLSVLHRLLLTWNPSS
VQLLVTGVVQQIVRAAQDYLQEKRNTLNEDDMEKEACTVLGEGGDSGGLIPGKSLVFATMELLMFILVRHMPHLSTKVSDSPSHIATKTRLSEESARLVAATVTILSDLPSLCSPAGCMTILPTILFLIARILKDTAI
KSADNQVPPPVSAALQGIKSIVTLSMAKTEAGVQKQWTALIRSTLACILEYSQPEDSVPTPDEVSMLTAIALFLWSASNEIIGVQSLQNGCMNRFKNALNSCDPWVQAKCYQLLLSVFQHSNRALSTPYIHSLAPIVV
EKLKAVERNRPASNIELLAVQEGIKVLETLVALGEEQNRVQLLALLVPTLISYLLDENSFASASSASKDLHEFALQNLMHIGPLYPHAFKTVMGAAPELKVRLETAVRASQASKAKAAARQPAPAIHSAPTIKLKTSF
F

MW:224159.350
Digest Matches (Score: 44.78)
Score = 44.780000, Rank = 19, Database = SwissProt, Accesskey = HTR5B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 247 672.260 672.404 920699.000 1+ -214.280 38 13 30.900 373 - 379 AQIAAAK
MSMS 255 609.340 1217.725 1470490.000 2+ -43.143 116 44 31.400 32 - 42 FLDKVLVAANK
MSMS 167 612.510 1835.880 686243.000 3+ -198.872 85 30 27.100 388 - 404 QMKAVEAVVNDTSGENK 2: Oxidation (M)
MSMS 391 766.960 2299.033 5803340.000 3+ -73.045 6 20 37.500 637 - 656 LMTPIECAMTMMSHIPSVMK 9: Oxidation (M) 11: Oxidation (M) 12: Oxidation (M)

Monocarboxylate transporter 11 OS=Homo sapiens GN=SLC16A11 PE=2 SV=1 MOT11_HUMAN
MPAPQRKHRRGGFSHRCFPTPQTAMTPQPAGPPDGGWGWVVAAAAFAINGLSYGLLRSLGLAFPDLAEHFDRSAQDTAWISALALAVQQAASPVGSALSTRWGARPVVMVGGVLASLGFVFSAFASDLLHLYLGLGLL
AGFGWALVFAPALGTLSRYFSRRRVLAVGLALTGNGASSLLLAPALQLLLDTFGWRGALLLLGAITLHLTPCGALLLPLVLPGDPPAPPRSPLAALGLSLFTRRAFSIFALGTALVGGGYFVPYVHLAPHALDRGLGG
YGAALVVAVAAMGDAGARLVCGWLADQGWVPLPRLLAVFGALTGLGLWVVGLVPVVGGEESWGGPLLAAAVAYGLSAGSYAPLVFGVLPGLVGVGGVVQATGLVMMLMSLGGLLGPPLSGFLRDETGDFTASFLLSGS
LILSGSFIYIGLPRALPSCGPASPPATPPPETGELLPAPQAVLLSPGGPGSTLDTTC

MW:47760.500
Digest Matches (Score: 44.45)
Score = 44.450000, Rank = 20, Database = SwissProt, Accesskey = MOT11_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 239 654.900 1963.007 1323165.000 3+ -163.673 17 18 30.600 273 - 294 GLGGYGAALVVAVAAMGDAGAR 16: Oxidation (M)
MSMS 203 654.910 1963.007 11048927.000 3+ -148.382 11 26 28.900 273 - 294 GLGGYGAALVVAVAAMGDAGAR 16: Oxidation (M)
MSMS 369 654.920 1963.007 802628.000 3+ -133.092 42 40 36.400 273 - 294 GLGGYGAALVVAVAAMGDAGAR 16: Oxidation (M)
MSMS 154 654.990 1963.007 137150544.000 3+ -26.058 15 34 26.100 273 - 294 GLGGYGAALVVAVAAMGDAGAR 16: Oxidation (M)

8.1.3 Mascot Report-Listen der identifizierten Proteine aus der tryptischen Spaltung von Proteinen aus dem SDS-Gel der Phosphomutanten von HDGF

Abbildung 8-11: Mascot-Report für Histon H2B. Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei Histon H2B das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/14/2011 Time: 11:34
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.d\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:
Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008 MH+ (mono): 1.008
MH+ (avg): 1.008 Tolerance (Da): 0.500 Number of Peaks: 0
Above Threshold: 0 Assigned Peaks: 0

Matched Sequences:

Unmatched

Global peptide results

Histone H2B type 1-C/E/F/G/I OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BC PE=1 SV=4 H2B1C_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSVYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:13897.560
Digest Matches (Score: 112.24)
Score = 112.243333, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1C_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 477.289 953.603 74718.000 2+ -33.844 5 11 28.400 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 407 477.338 953.603 1030258.000 2+ 69.032 143 36 27.500 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 373 477.353 953.603 1030258.000 2+ 100.525 26 29 27.000 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 257 569.394 1137.546 96303.000 2+ 206.308 12 16 24.800 36 - 44 ESYSVYVYK
MSMS 745 872.583 1743.819 74128.000 2+ 194.773 517 44 34.500 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER
MSMS 558 888.534 1775.809 287468.000 2+ 141.770 67 87 30.700 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 83.59)
Score = 83.590000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 672 862.631 1723.959 136127.000 2+ 171.719 6145 83 33.100 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGPFGPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGERGPPGPGAAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 48.10)
Score = 48.100000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 241 530.391 530.268 102231.000 1+ 232.135 1 - 24.500 488 - 493 GGPGSR
MSMS 261 581.394 1161.572 183367.000 2+ 179.738 80 48 24.900 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 133 834.088 2500.222 58858.000 3+ 11.155 18 8 22.400 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK
MSMS 253 896.891 2688.211 137142.000 3+ 166.609 17 13 24.800 1400 - 1424 AEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGK 16: Carbamidomethyl (C)
Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHTTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVNKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSFSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEEKLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT
KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 38.78)
Score = 38.780000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 146 394.807 788.524 261193.000 2+ 105.064 21 27 22.700 964 - 970 KIISSIK
MSMS 168 394.812 788.524 261193.000 2+ 117.763 18 38 23.300 964 - 970 KIISSIK
LEUCINE-RICH REPEAT-CONTAINING PROTEIN C22ORF36 OS=HOMO SAPIENS GN=C22ORF36 PE=2 SV=1
MGARLGRRAGPEAGSEAGAAGCGPAPYERRVRWLREIQSTLRERRPERARQLLRLARQDLGLEEPPDILYRDVAFLNPVDPISHDLLVNLARDLQCPKKDYELWKSSDKICRQLIYHLTPHSKQQQGSSLRQRKT
QSCLKSSLQKTLLAGETVDLSGIPLSTQDVQHITRYLSSHGAVLAVLDLSFTGLSDELLHLLLPSLWALPRLTQLLLNGNRLTRATARKLTDAIKDTTKFPALAWVDLGNNVDVASLPQPLLVGLRRRLSQRTSLPTI
YEGLDLEPEGSAAGATTPASTWDSTAAGLGPEPQACCAR

Digest Matches (Score: 38.47)
Score = 38.470000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = LRC6X_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 168 394.812 788.488 261193.000 2+ 163.962 26 38 23.300 227 - 233 KLTDAIK
SET and MYND domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=SMYD3 PE=1 SV=4 SMYD3_HUMAN

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/14/2011 Time: 11:34
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.d\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.mgf

MEPLKVEKFATAKRGNGLRAVTPLRPGELLFRSDPLAYTVCKGSRGVVCDRCLLGKEKLMRCSQCRVAKYCSAKCQKKAWPDHKRECKCLKSCKPRYPPDSVRLLGRVVFKLMDGAPSESEKLYSFYDLESNINKLTE
DKKEGLRQLVMTFQHFMREEIQDASQLPPAFDLFEAFAKVICNSFTICNAEMQEVGVGLYPSISLLNHSCDPNCSIVFNGPHLLLRAVRDIEVGEELTICYLDMLMTSEERRKQLRDQYCFECDCFRCQTQDKDADML
TGDEQVWKEVQESLKKIEELKAHWKWEQVLAMCQAIISSNSERLPDINIYQLKVLDCAMDACINLGLLEEALFYGTRTMEPYRIFFPGSHPVRGVQVMKVGKLQLHQGMFPQAMKNLRLAFDIMRVTHGREHSLIEDL
ILLLEECDANIRAS

MW:49064.570
Digest Matches (Score: 36.78)
Score = 36.780000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = SMYD3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 583 648.429 648.313 32283.000 1+ 178.613 1 5 31.200 46 - 51 GVVCDR
MSMS 86 610.362 1828.956 56991.000 3+ 63.129 4 36 21.300 376 - 391 VGKLQLHQGMFPQAMK 10: Oxidation (M)
MSMS 86 610.362 1828.956 56991.000 3+ 63.129 2 15 21.300 376 - 391 VGKLQLHQGMFPQAMK 15: Oxidation (M)
Histone H2B type 1-A OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BA PE=1 SV=3 H2B1A_HUMAN
MPEVSSKGATISKKGFKKAVVKTQKKEGKKRKRTRKESYSIYIYKVLKQVHPDTGISSKAMSIMNSFVTDIFERIASEASRLAHYSKRSTISSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:14158.740
Digest Matches (Score: 36.25)
Score = 36.250000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 477.289 953.603 74718.000 2+ -33.844 5 11 28.400 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 407 477.338 953.603 1030258.000 2+ 69.032 143 36 27.500 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 373 477.353 953.603 1030258.000 2+ 100.525 26 29 27.000 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 586 889.019 1776.830 287466.000 2+ 113.307 69 10 31.300 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 2: Oxidation (M)
MSMS 571 593.063 1776.830 117159.000 3+ 194.241 38 26 30.900 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 2: Oxidation (M)
MSMS 571 593.063 1776.830 117159.000 3+ 194.241 38 21 30.900 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 5: Oxidation (M)
Apolipoprotein L5 OS=Homo sapiens GN=APOL5 PE=1 SV=1 APOL5_HUMAN
MPCGKQGNLQVPGSKVLPGLGEGCKEMWLRKVIYGGEVWGKSPEPEFPSLVNLCQSWKINNLMSTVHSDEAGMLSYFLFEELMRCDKDSMPDGNLSEEEKLFLSYFPLHKFELEQNIKELNTLADQVDTTHELLTKTS
LVASSSGAVSGVMNILGLALAPVTAGGSLMLSATGTGLGAAAAITNIVTNVLENRSNSAARDKASRLGPLTTSHEAFGGINWSEIEAAGFCVNKCVKAIQGIKDLHAYQMAKSNSGFMAMVKNFVAKRHIPFWTARGV
QRAFEGTTLAMTNGAWVMGAAGAGFLLMKDMSSFLQSWKHLEDGARTETAEELRALAKKLEQELDRLTQHHRHLPQKASQTCSSSRGRAVRGSRVVKPEGSRSPLPWPVVEHQPRLGPGVALRTPKRTVSAPRMLGHQ
PAPPAPARKGRQAPGRHRQ

MW:47013.990
Digest Matches (Score: 33.85)
Score = 33.850000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = APOL5_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 687 604.934 1812.726 136671.000 3+ 33.802 4 14 33.500 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
MSMS 102 605.046 1812.726 310094.000 3+ 219.261 23 15 21.700 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
MSMS 124 605.066 1812.726 310094.000 3+ 252.379 139 33 22.300 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
Serine/threonine-protein kinase Nek10 OS=Homo sapiens GN=NEK10 PE=2 SV=2 NEK10_HUMAN
MPDQDKKVKTTEKSTDKQQEITIRDYSDLKRLRCLLNVQSSKQQLPAINFDSAQNSMTKSEPAIRAGGHRARGQWHESTEAVELENFSINYKNERNFSKHPQRKLFQEIFTALVKNRLISREWVNRAPSIHFLRVLIC
LRLLMRDPCYQEILHSLGGIENLAQYMEIVANEYLGYGEEQHTVDKLVNMTYIFQKLAAVKDQREWVTTSGAHKTLVNLLGARDTNVLLGSLLALASLAESQECREKISELNIVENLLMILHEYDLLSKRLTAELLRL
LCAEPQVKEQVKLYEGIPVLLSLLHSDHLKLLWSIVWILVQVCEDPETSVEIRIWGGIKQLLHILQGDRNFVSDHSSIGSLSSANAAGRIQQLHLSEDLSPREIQENTFSLQAACCAALTELVLNDTNAHQVVQENGV
YTIAKLILPNKQKNAAKSNLLQCYAFRALRFLFSMERNRRPLFKRLFPTDLFEIFIDIGHYVRDISAYEELVSKLNLLVEDELKQIAENIESINQNKAPLKYIGNYAILDHLGSGAFGCVYKVRKHSGQNLLAMKEVNL
HNPAFGKDKKDRDSSVRNIVSELTIIKEQLYHPNIVRYYKTFLENDRLYIVMELIEGAPLGEHFSSLKEKHHHFTEERLWKIFIQLCLALRYLHKEKRIVHRDLTPNNIMLGDKDKVTVADFGLAKQKQENSKLTSVV
GTILYSCPEVLKSEPYGEKADVWAVGCILYQMATLSPPFYSTNMLSLATKIVEAVYEPVPEGIYSEKVTDTISRCLTPDAEARPDIVEVSSMISDVMMKYLDNLSTSQLSLEKKLERERRRTQRYFMEANRNTVTCHH
ELAVLSHETFEKASLSSSSSGAASLKSELSESADLPPEGFQASYGKDEDRACDEILSDDNFNLENAEKDTYSEVDDELDISDNSSSSSSSPLKESTFNILKRSFSASGGERQSQTRDFTGGTGSRPRPALLPLDLLLK
VPPHMLRAHIKEIEAELVTGWQSHSLPAVILRNLKDHGPQMGTFLWQASAGIAVSQRKVRQISDPIQQILIQLHKIIYITQLPPALHHNLKRRVIERFKKSLFSQQSNPCNLKSEIKKLSQGSPEPIEPNFFTADYHL
LHRSSGGNSLSPNDPTGLPTSIELEEGITYEQMQTVIEEVLEESGYYNFTSNRYHSYPWGTKNHPTKR

MW:133145.620
Digest Matches (Score: 32.70)
Score = 32.700000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = NEK10_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 407 477.338 953.614 1030258.000 2+ 57.243 40 27 27.500 420 - 427 LILPNKQK
MSMS 373 477.353 953.614 1030258.000 2+ 88.735 34 29 27.000 420 - 427 LILPNKQK
MSMS 204 805.808 1610.827 52208.000 2+ -135.690 11 4 23.900 790 - 803 YLDNLSTSQLSLEK
MSMS 213 901.863 2703.483 209390.000 3+ 33.918 16 32 24.100 978 - 1001 EIEAELVTGWQSHSLPAVILRNLK
Tenascin OS=Homo sapiens GN=TNC PE=1 SV=3 TENA_HUMAN
MGAMTQLLAGVFLAFLALATEGGVLKKVIRHKRQSGVNATLPEENQPVVFNHVYNIKLPVGSQCSVDLESASGEKDLAPPSEPSESFQEHTVDGENQIVFTHRINIPRRACGCAAAPDVKELLSRLEELENLVSSLRE
QCTAGAGCCLQPATGRLDTRPFCSGRGNFSTEGCGCVCEPGWKGPNCSEPECPGNCHLRGRCIDGQCICDDGFTGEDCSQLACPSDCNDQGKCVNGVCICFEGYAGADCSREICPVPCSEEHGTCVDGLCVCHDGFAG
DDCNKPLCLNNCYNRGRCVENECVCDEGFTGEDCSELICPNDCFDRGRCINGTCYCEEGFTGEDCGKPTCPHACHTQGRCEEGQCVCDEGFAGVDCSEKRCPADCHNRGRCVDGRCECDDGFTGADCGELKCPNGCSG
HGRCVNGQCVCDEGYTGEDCSQLRCPNDCHSRGRCVEGKCVCEQGFKGYDCSDMSCPNDCHQHGRCVNGMCVCDDGYTGEDCRDRQCPRDCSNRGLCVDGQCVCEDGFTGPDCAELSCPNDCHGQGRCVNGQCVCHEG
FMGKDCKEQRCPSDCHGQGRCVDGQCICHEGFTGLDCGQHSCPSDCNNLGQCVSGRCICNEGYSGEDCSEVSPPKDLVVTEVTEETVNLAWDNEMRVTEYLVVYTPTHEGGLEMQFRVPGDQTSTIIQELEPGVEYFI
RVFAILENKKSIPVSARVATYLPAPEGLKFKSIKETSVEVEWDPLDIAFETWEIIFRNMNKEDEGEITKSLRRPETSYRQTGLAPGQEYEISLHIVKNNTRGPGLKRVTTTRLDAPSQIEVKDVTDTTALITWFKPLA
EIDGIELTYGIKDVPGDRTTIDLTEDENQYSIGNLKPDTEYEVSLISRRGDMSSNPAKETFTTGLDAPRNLRRVSQTDNSITLEWRNGKAAIDSYRIKYAPISGGDHAEVDVPKSQQATTKTTLTGLRPGTEYGIGVS
AVKEDKESNPATINAATELDTPKDLQVSETAETSLTLLWKTPLAKFDRYRLNYSLPTGQWVGVQLPRNTTSYVLRGLEPGQEYNVLLTAEKGRHKSKPARVKASTEQAPELENLTVTEVGWDGLRLNWTAADQAYEHF
IIQVQEANKVEAARNLTVPGSLRAVDIPGLKAATPYTVSIYGVIQGYRTPVLSAEASTGETPNLGEVVVAEVGWDALKLNWTAPEGAYEYFFIQVQEADTVEAAQNLTVPGGLRSTDLPGLKAATHYTITIRGVTQDF
STTPLSVEVLTEEVPDMGNLTVTEVSWDALRLNWTTPDGTYDQFTIQVQEADQVEEAHNLTVPGSLRSMEIPGLRAGTPYTVTLHGEVRGHSTRPLAVEVVTEDLPQLGDLAVSEVGWDGLRLNWTAADNAYEHFVIQ
VQEVNKVEAAQNLTLPGSLRAVDIPGLEAATPYRVSIYGVIRGYRTPVLSAEASTAKEPEIGNLNVSDITPESFNLSWMATDGIFETFTIEIIDSNRLLETVEYNISGAERTAHISGLPPSTDFIVYLSGLAPSIRTK
TISATATTEALPLLENLTISDINPYGFTVSWMASENAFDSFLVTVVDSGKLLDPQEFTLSGTQRKLELRGLITGIGYEVMVSGFTQGHQTKPLRAEIVTEAEPEVDNLLVSDATPDGFRLSWTADEGVFDNFVLKIRD
TKKQSEPLEITLLAPERTRDITGLREATEYEIELYGISKGRRSQTVSAIATTAMGSPKEVIFSDITENSATVSWRAPTAQVESFRITYVPITGGTPSMVTVDGTKTQTRLVKLIPGVEYLVSIIAMKGFEESEPVSGS
FTTALDGPSGLVTANITDSEALARWQPAIATVDSYVISYTGEKVPEITRTVSGNTVEYALTDLEPATEYTLRIFAEKGPQKSSTITAKFTTDLDSPRDLTATEVQSETALLTWRPPRASVTGYLLVYESVDGTVKEVI
VGPDTTSYSLADLSPSTHYTAKIQALNGPLRSNMIQTIFTTIGLLYPFPKDCSQAMLNGDTTSGLYTIYLNGDKAEALEVFCDMTSDGGGWIVFLRRKNGRENFYQNWKAYAAGFGDRREEFWLGLDNLNKITAQGQY
ELRVDLRDHGETAFAVYDKFSVGDAKTRYKLKVEGYSGTAGDSMAYHNGRSFSTFDKDTDSAITNCALSYKGAFWYRNCHRVNLMGRYGDNNHSQGVNWFHWKGHEHSIQFAEMKLRPSNFRNLEGRRKRA

MW:240700.150
Digest Matches (Score: 32.47)
Score = 32.470000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = TENA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.: 1.100000 Da, Enz.Trypsin, Engine: Mascot Version: 2.3.01.241 , DB: SwissProt , DB Version: SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 705 802.373 1603.793 61835.000 2+ -33.890 11 1 33.800 110 - 125 ACGCAAAPDVKELLSR
MSMS 517 592.982 1776.651 53188.000 3+ 157.951 18 24 29.600 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 586 889.019 1776.651 287466.000 2+ 213.861 17 13 31.300 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 571 593.063 1776.651 117159.000 3+ 294.803 70 33 30.900 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 9251083.010 2164.793 63552.000 2+ 101.717 5 - 37.900 356 - 375 CEEGQCVCDEGFAGVDCSEK 1: Carbamidomethyl (C)
MSMS 930 846.914 2539.307 73755.000 3+ -228.433 13 8 38.000 1742 - 1765 ITYVPITGGTPSMVTVDGTKTQTR 13: Oxidation (M)
Histone H2B type 1-C/E/F/G/I OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BC PE=1 SV=4 H2B1C_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSVYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:13897.560
Digest Matches (Score: 112.24)
Score = 112.243333, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1C_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 477.289 953.603 74718.000 2+ -33.844 5 11 28.400 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 407 477.338 953.603 1030258.000 2+ 69.032 143 36 27.500 101 - 109 LLLPGELAK

Spectrum Analysis Report
Date: 10/14/2011 Time: 11:34
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.d\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.mgf

MSMS 373 477.353 953.603 1030258.000 2+ 100.525 26 29 27.000 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 257 569.394 1137.546 96303.000 2+ 206.308 12 16 24.800 36 - 44 ESYSVYVYK
MSMS 745 872.583 1743.819 74128.000 2+ 194.773 517 44 34.500 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER
MSMS 558 888.534 1775.809 287466.000 2+ 141.770 67 87 30.700 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)

Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 83.59)
Score = 83.590000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 672 862.631 1723.959 136127.000 2+ 171.719 6145 83 33.100 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR

Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGPLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSGAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 48.10)
Score = 48.100000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 241 530.391 530.268 102231.000 1+ 232.135 1 - 24.500 488 - 493 GGPGSR
MSMS 261 581.394 1161.572 183367.000 2+ 179.738 80 48 24.900 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 133 834.088 2500.222 58858.000 3+ 11.155 18 8 22.400 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK
MSMS 253 896.891 2688.211 137142.000 3+ 166.609 17 13 24.800 1400 - 1424 AEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGK 16: Carbamidomethyl (C)

Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHYTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVNKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSFSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEKRLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT
KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 38.78)
Score = 38.780000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 146 394.807 788.524 261193.000 2+ 105.064 21 27 22.700 964 - 970 KIISSIK
MSMS 168 394.812 788.524 261193.000 2+ 117.763 18 38 23.300 964 - 970 KIISSIK

LEUCINE-RICH REPEAT-CONTAINING PROTEIN C22ORF36 OS=HOMO SAPIENS GN=C22ORF36 PE=2 SV=1 LRC6X_HUMAN
MGARLGRRAGPEAGSEAGAAAGCGPAPYERRVRWLREIQSTLRERRPERARQLLRLLRQDLGLERTLLPDILYRDVAFLNPVDPISHDLLVNLARDLQCPKKDYELWKSSDKICRQLIYHLTPHSKQQQGSSLRQRKT
QSCLKSSLQKTLLAGETVDLSGIPLSTQDVQHITRYLSSHGAVLAVLDLSFTGLSDELLHLLLPSLWALPRLTQLLLNGNRLTRATARKLTDAIKDTTKFPALAWVDLGNNVDVASLPQPLLVGLRRRLSQRTSLPTI
YEGLDLEPEGSAAGATTPASTWDSTAAGLGPEPQACCAR

Digest Matches (Score: 38.47)
Score = 38.470000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = LRC6X_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 168 394.812 788.488 261193.000 2+ 163.962 26 38 23.300 227 - 233 KLTDAIK

SET and MYND domain-containing protein 3 OS=Homo sapiens GN=SMYD3 PE=1 SV=4 SMYD3_HUMAN
MEPLKVEKFATAKRGNGLRAVTPLRPGELLFRSDPLAYTVCKGSRGVVCDRCLLGKEKLMRCSQCRVAKYCSAKCQKKAWPDHKRECKCLKSCKPRYPPDSVRLLGRVVFKLMDGAPSESEKLYSFYDLESNINKLTE
DKKEGLRQLVMTFQHFMREEIQDASQLPPAFDLFEAFAKVICNSFTICNAEMQEVGVGLYPSISLLNHSCDPNCSIVFNGPHLLLRAVRDIEVGEELTICYLDMLMTSEERRKQLRDQYCFECDCFRCQTQDKDADML
TGDEQVWKEVQESLKKIEELKAHWKWEQVLAMCQAIISSNSERLPDINIYQLKVLDCAMDACINLGLLEEALFYGTRTMEPYRIFFPGSHPVRGVQVMKVGKLQLHQGMFPQAMKNLRLAFDIMRVTHGREHSLIEDL
ILLLEECDANIRAS

MW:49064.570
Digest Matches (Score: 36.78)
Score = 36.780000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = SMYD3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 583 648.429 648.313 32283.000 1+ 178.613 1 5 31.200 46 - 51 GVVCDR
MSMS 86 610.362 1828.956 56991.000 3+ 63.129 4 36 21.300 376 - 391 VGKLQLHQGMFPQAMK 10: Oxidation (M)
MSMS 86 610.362 1828.956 56991.000 3+ 63.129 2 15 21.300 376 - 391 VGKLQLHQGMFPQAMK 15: Oxidation (M)

Histone H2B type 1-A OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BA PE=1 SV=3 H2B1A_HUMAN
MPEVSSKGATISKKGFKKAVVKTQKKEGKKRKRTRKESYSIYIYKVLKQVHPDTGISSKAMSIMNSFVTDIFERIASEASRLAHYSKRSTISSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSSK

MW:14158.740
Digest Matches (Score: 36.25)
Score = 36.250000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1A_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 449 477.289 953.603 74718.000 2+ -33.844 5 11 28.400 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 407 477.338 953.603 1030258.000 2+ 69.032 143 36 27.500 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 373 477.353 953.603 1030258.000 2+ 100.525 26 29 27.000 102 - 110 LLLPGELAK
MSMS 586 889.019 1776.830 287466.000 2+ 113.307 69 10 31.300 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 2: Oxidation (M)
MSMS 571 593.063 1776.830 117159.000 3+ 194.241 38 26 30.900 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 2: Oxidation (M)
MSMS 571 593.063 1776.830 117159.000 3+ 194.241 38 21 30.900 60 - 74 AMSIMNSFVTDIFER 5: Oxidation (M)

Apolipoprotein L5 OS=Homo sapiens GN=APOL5 PE=1 SV=1 APOL5_HUMAN
MPCGKQGNLQVPGSKVLPGLGEGCKEMWLRKVIYGGEVWGKSPEPEFPSLVNLCQSWKINNLMSTVHSDEAGMLSYFLFEELMRCDKDSMPDGNLSEEEKLFLSYFPLHKFELEQNIKELNTLADQVDTTHELLTKTS
LVASSSGAVSGVMNILGLALAPVTAGGSLMLSATGTGLGAAAAITNIVTNVLENRSNSAARDKASRLGPLTTSHEAFGGINWSEIEAAGFCVNKCVKAIQGIKDLHAYQMAKSNSGFMAMVKNFVAKRHIPFWTARGV
QRAFEGTTLAMTNGAWVMGAAGAGFLLMKDMSSFLQSWKHLEDGARTETAEELRALAKKLEQELDRLTQHHRHLPQKASQTCSSSRGRAVRGSRVVKPEGSRSPLPWPVVEHQPRLGPGVALRTPKRTVSAPRMLGHQ
PAPPAPARKGRQAPGRHRQ

MW:47013.990

Spectrum Analysis Report
Date: 10/14/2011 Time: 11:34
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.d\Stephie_Probe1_BD1_01_7284.mgf

Digest Matches (Score: 33.85)
Score = 33.850000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = APOL5_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 687 604.934 1812.726 136671.000 3+ 33.802 4 14 33.500 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
MSMS 102 605.046 1812.726 310094.000 3+ 219.261 23 15 21.700 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
MSMS 124 605.066 1812.726 310094.000 3+ 252.379 139 33 22.300 85 - 100 CDKDSMPDGNLSEEEK 6: Oxidation (M)
Serine/threonine-protein kinase Nek10 OS=Homo sapiens GN=NEK10 PE=2 SV=2 NEK10_HUMAN
MPDQDKKVKTTEKSTDKQQEITIRDYSDLKRLRCLLNVQSSKQQLPAINFDSAQNSMTKSEPAIRAGGHRARGQWHESTEAVELENFSINYKNERNFSKHPQRKLFQEIFTALVKNRLISREWVNRAPSIHFLRVLIC
LRLLMRDPCYQEILHSLGGIENLAQYMEIVANEYLGYGEEQHTVDKLVNMTYIFQKLAAVKDQREWVTTSGAHKTLVNLLGARDTNVLLGSLLALASLAESQECREKISELNIVENLLMILHEYDLLSKRLTAELLRL
LCAEPQVKEQVKLYEGIPVLLSLLHSDHLKLLWSIVWILVQVCEDPETSVEIRIWGGIKQLLHILQGDRNFVSDHSSIGSLSSANAAGRIQQLHLSEDLSPREIQENTFSLQAACCAALTELVLNDTNAHQVVQENGV
YTIAKLILPNKQKNAAKSNLLQCYAFRALRFLFSMERNRPLFKRLFPTDLFEIFIDIGHYVRDISAYEELVSKLNLLVEDELKQIAENIESINQNKAPLKYIGNYAILDHLGSGAFGCVYKVRKHSGQNLLAMKEVNL
HNPAFGKDKKDRDSSVRNIVSELTIIKEQLYHPNIVRYYKTFLENDRLYIVMELIEGAPLGEHFSSLKEKHHHFTEERLWKIFIQLCLALRYLHKEKRIVHRDLTPNNIMLGDKDKVTVADFGLAKQKQENSKLTSVV
GTILYSCPEVLKSEPYGEKADVWAVGCILYQMATLSPPFYSTNMLSLATKIVEAVYEPVPEGIYSEKVTDTISRCLTPDAEARPDIVEVSSMISDVMMKYLDNLSTSQLSLEKKLERERRRTQRYFMEANRNTVTCHH
ELAVLSHETTEKASLSSSSSSGAASLKSELSESADLPPEGFQASYGKDEDRACDEILSDDNFNLENAEKDTYSEVDDELDISDNSSSSSSSPLKESTFNILKRSFSASGGERQSQTRDFTGGTGSRPRPALLPLDLLLK
VPPHMLRAHIKEIEAELVTGWQSHSLPAVILRNLKDHGPQMGTFLWQASAGIAVSQRKVRQISDFIQQILIQLHKIIYITQLPPALHHNLKRRVIERFKKSLFSQQSNPCNLKSEIKKLSQGSPEPIEPNFFTADYHL
LHRSSGGNSLSPNDPTGLPTSIELEEGITYEQMQTVIEEVLEESGYYNFTSNRYHSYPWGTKNHPTKR

MW:133145.620
Digest Matches (Score: 32.70)
Score = 32.700000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = NEK10_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 407 477.338 953.614 1030258.000 2+ 57.243 40 27 27.500 420 - 427 LILPNKQK
MSMS 373 477.353 953.614 1030258.000 2+ 88.735 34 29 27.000 420 - 427 LILPNKQK
MSMS 204 805.808 1610.827 52208.000 2+ -135.690 11 4 23.900 790 - 803 YLDNLSTSQLSLEK
MSMS 213 901.863 2703.483 209390.000 3+ 33.918 16 32 24.100 978 - 1001 EIEAELVTGWQSHSLPAVILRNLK
Tenascin OS=Homo sapiens GN=TNC PE=1 SV=3 TENA_HUMAN
MGAMTQLLAGVFLAFLALATEGGVLKKVIRHKRQSGVNATLPEENQPVVFNHVYNIKLPVGSQCSVDLESASGEKDLAPPSEPSESFQEHTVDGENQIVFTHRINIPRRACGCAAAPDVKELLSRLEELENLVSSLRE
QCTAGAGCCLQPATGRLDTRPFCSGRGNFSTEGCGCVCEPGWKGPNCSEPECPGNCHLRGRCIDGQCICDDGFTGEDCSQLACPSDCNDQGKCVNGVCICFEGYAGADCSREICPVPCSEEHGTCVDGLCVCHDGFAG
DDCNKPLCLNNCYNRGRCVENECVCDEGFTGEDCSELICPNDCFDRGRCINGTCYCEEGFTGEDCGKPTCPHACHTQGRCEEGQCVCDEGFAGVDCSEKRCPADCHNRGRCVDGRCECDDGFTGADCGELKCPNGCSG
HGRCVNGQCVCDEGYTGEDCSQLRCPNDCHSRGRCVEGKCVCEQGFKGYDCSDMSCPNDCHQHGRCVNGMCVCDDGYTGEDCRDQCPRDCSNRGLCVDGQCVCEDGFTGPDCAELSCPNDCHGQGRCVNGQCVCHEG
FMGKDCKEQRCPSDCHGQGRCVDGQCICHEGFTGLDCGQHSCPSDCNNLGQCVSGRCICNEGYSGEDCSEVSPPKDLVVTEVTEETVNLAWDNEMRVTEYLVVYTPTHEGGLEMQFRVPGDQTSTIIQELEPGVEYFI
RVFAILENKKSIPVSARVATYLPAPEGLKFKSIKETSVEVEWDPLDIAFETWEIIFRNMNKEDEGEITKSLRRPETSYRQTGLAPGQEYEISLHIVKNNTRGPGLKRVTTTRLDAPSQIEVKDVTDTTALITWFKPLA
EIDGIELTYGIKDVPGDRTTIDLTEDENQYSIGNLKPDTEYEVSLISRRGDMSSNPAKETFTTGLDAPRNLRRVSQTDNSITLEWRNGKAAIDSYRIKYAPISGGDHAEVDVPKSQQATTKTTLTGLRPGTEYGIGVS
AVKEDKESNPATINAATELDTPKDLQVSETAETSLTLLWKTPLAKFDRYRLNYSLPTGQWVGVQLPRNTTSYVLRGLEPGQEYNVLLTAEKGRHKSKPARVKASTEQAPELENLTVTEVGWDGLRLNWTAADQAYEHF
IIQVQEANKVEAARNLTVPGSLRAVDIPGLKAATPYTVSIYGVIQGYRTPVLSAEASTGETPNLGEVVVAEVGWDALKLNWTAPEGAYEYFFIQVQEADTVEAAQNLTVPGGLRSTDLPGLKAATHYTITIRGVTQDF
STTPLSVEVLTEEVPDMGNLTVTEVSWDALRLNWTTPDGTYDQFTIQVQEADQVEEAHNLTVPGSLRSMEIPGLRAGTPYTVTLHGEVRGHSTRPLAVEVVTEDLPQLGDLAVSEVGWDGLRLNWTAADNAYEHFVIQ
VQEVNKVEAAQNLTLPGSLRAVDIPGLEAATPYRVSIYGVIRGYRTPVLSAEASTAKEPEIGNLNVSDITPESFNLSWMATDGIFETFTIEIIDSNRLLETVEYNISGAERTAHISGLPPSTDFIVYLSGLAPSIRTK
TISATATTEALPLLENLTISDINPYGFTVSWMASENAFDSFLVTVVDSGKLLDPQEFTLSGTQRKLELRGLITGIGYEVMVSGFTQGHQTKPLRAEIVTEAEPEVDNLLVSDATPDGFRLSWTADEGVFDNFVLKIRD
TKKQSEDLEITLLAPEKTRDITGLRREATEYEIELYGISKGRRSQTVSAIATTAMGSPKEVIFSDITENSATVSWRAPTAQVESFRITYVPITGGTPSMVTVDGTKTQTRLVKLIPGVEYLVSIIAMKGFEESEPVSGS
FTTALDGPSGLVTANITDSEALARWQPAIATVDSYVISYTGEKVPEITRTVSGNTVEYALTDLEPATEYTLRIFAEKGPQKSSTITAKFTTDLDSPRDLTATEVQSETALLTWRPPRASVTGYLLVYESVDGTVKEVI
VGPDTTSYSLADLSPSTHYTAKIQALNGPLRSNMIQTIFTTIGLLYPFPKDCSQAMLNGDTTSGLYTIYLNGDKAEALEVFCDMTSDGGGWIVFLRRKNGRENFYQNWKAYAAGFGDRREEFWLGLDNLNKITAQGQY
ELRVDLRDHGETAFAVYDKFSVGDAKTRYKLKVEGYSGTAGDSMAYHNGRSFSTFDKDTDSAITNCALSYKGAFWYRNCHRVNLMGRYGDNNHSQGVNWFHWKGHEHSIQFAEMKLRPSNFRNLEGRRKRA

MW:240700.150
Digest Matches (Score: 32.47)
Score = 32.470000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = TENA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 705 802.373 1603.793 61835.000 2+ -33.890 11 1 33.800 110 - 125 ACGCAAAPDVKELLSR
MSMS 517 592.982 1776.651 53188.000 3+ 157.951 18 24 29.600 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 586 889.019 1776.651 287466.000 2+ 213.861 17 13 31.300 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 571 593.063 1776.651 117159.000 3+ 294.803 70 33 30.900 392 - 407 CECDDGFTGADCGELK 1: Carbamidomethyl (C) 3: Carbamidomethyl (C)
MSMS 9251083.010 2164.793 63552.000 2+ 101.717 5 - 37.900 356 - 375 CEEGQCVCDEGFAGVDCSEK 1: Carbamidomethyl (C)
MSMS 930 846.914 2539.307 73755.000 3+ -228.433 13 8 38.000 1742 - 1765 ITYVPITGGTPSMVTVDGTKTQTR 13: Oxidation (M)

Abbildung 8-12: Mascot-Report für Histon H4.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei Histon H4 das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:08
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe3_BD3_01_7290.d\Stephie_Probe3_BD3_01_7290.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:
Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008 MH+ (mono): 1.008
MH+ (avg): 1.008 Tolerance (Da): 0.500 Number of Peaks: 0
Above Threshold: 0 Assigned Peaks: 0

Matched Sequences:
Unmatched

Compounds
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
Global peptide results

Histone H4 OS=Homo sapiens GN=HIST1H4A PE=1 SV=2 H4_HUMAN
MSGRGKGGKGLGKGGAKRHRKVLRDNIQGITKPAIRRLARRGGVKRISGLIYEETRGVLKVFLENVIRDAVTYTEHAKRKTVTAMDVVYALKRQGRTLYGFGG

MW:11360.380
Digest Matches (Score: 147.27)
Score = 147.273333, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H4_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 473 495.320 989.578 1585855.000 2+ 55.526 137 62 27.600 61 - 68 VFLENVIR
MSMS 56 567.843 1134.543 69820.000 2+ 120.114 35 30 18.900 69 - 78 DAVTYTEHAK
MSMS 57 378.906 1134.543 36886.000 3+ 141.926 17 12 19.000 69 - 78 DAVTYTEHAK
MSMS 328 590.935 1180.621 193717.000 2+ 205.087 159 45 25.100 47 - 56 ISGLIYEETR
MSMS 220 663.396 1325.754 642729.000 2+ 23.530 73 41 23.300 25 - 36 DNIQGITKPAIR
MSMS 460 663.960 1326.697 181497.000 2+ 162.447 131 39 27.400 81 - 92 TVTAMDVVYALK 5: Oxidation (M)
MSMS 625 663.973 1326.697 107223.000 2+ 182.059 24 47 30.100 81 - 92 TVTAMDVVYALK 5: Oxidation (M)
MSMS 583 734.088 1466.804 66227.000 2+ 249.126 65 26 29.300 81 - 93 TVTAMDVVYALKR
MSMS 577 494.999 1482.798 61856.000 3+ 124.156 15 14 29.200 81 - 93 TVTAMDVVYALKR 5: Oxidation (M)
MSMS 437 742.047 1482.798 290163.000 2+ 194.527 1032 58 27.000 81 - 93 TVTAMDVVYALKR 5: Oxidation (M)
E3 ubiquitin-protein ligase MARCH7 OS=Homo sapiens GN=MARCH7 PE=1 SV=1 MARH7_HUMAN
MESKPSRIPRRISVQPSSSLSARMMSGSRGSSLNDTYHSRDSSFRLDSEYQSTSASASASPFQSAWYSESEITQGARSRSQNQQRDHDSKRPKLSCTNCTTSAGRNVGNGLNTLSDSSWRHSQVPRSSSMVLGSFGTD
LMRERRDLERRTDSSISNLMDYSHRSGDFTTSSYVQDRVPSYSQGARPKENSMSTLQLNTSSTNHQLPSEHQTILSSRDSRNSLRSNFSSRESESSRSNTQPGFSYSSSRDEAPIISNSERVVSSQRPPQESSDNEGR
RTTRRLLSRIASSMSSTFFSRRSSQDSLNTRSLNSENSYVSPRILTASQSRSNVPSASEVPDNRASEASQGFRFLRRRWGLSSLSHNHSSESDSENFNQESEGRNTGPWLSSSLRNRCTPLFSRRRREGRDESSRIPT
SDTSSRSHIFRRESNEVVHLEAQNDPLGAAANRPQASAASSSATTGGSTSDSAQGGRNTGISGILPGSLFRFAVPPALGSNLTDNVMITVDIIPSGWNSADGKSDKTKSAPSRDPERLQKIKESLLLEDSEEEEGDLC
RICQMAAASSSNLLIEPCKCTGSLQYVHQDCMKKWLQAKINSGSSLEAVTTCELCKEKLELNLEDFDIHELHRAHANEQAEYEFISSGLYLVVLLHLCEQSFSDMMGNTNEPSTRVRFINLARTLQAHMEDLETSEDD
SEEDGDHNRTFDIA

MW:78003.420
Digest Matches (Score: 40.75)
Score = 40.750000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = MARH7_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 137 810.509 1619.740 34888.000 2+ 167.007 1 5 21.500 127 - 141 SSSMVLGSFGTDLMR 4: Oxidation (M) 14: Oxidation (M)
MSMS 177 605.411 1813.803 240570.000 3+ 229.180 24 40 22.500 572 - 586 CTGSLQYVHQDCMKK 1: Carbamidomethyl (C) 13: Oxidation (M)
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 40.32)
Score = 40.320000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 428 708.322 708.379 111988.000 1+ -80.228 1 - 26.900 124 - 131 GPAGPPGR
MSMS 913 354.746 708.379 73027.000 2+ 149.812 2 7 36.300 124 - 131 GPAGPPGR
MSMS 154 426.253 851.426 27767.000 2+ 85.793 35 26 22.000 269 - 277 GFSGLDGAK
MSMS 353 581.391 1161.572 182910.000 2+ 174.568 35 38 25.500 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 144 845.953 1690.778 42514.000 2+ 71.472 8 15 21.700 613 - 631 DGEAGAQGPPGPAGPAGER
MSMS 253 691.747 2073.011 164854.000 3+ 104.062 29 31 23.800 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 286 691.779 2073.011 98143.000 3+ 150.394 21 11 24.300 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 182 834.149 2500.222 64534.000 3+ 84.378 9 7 22.600 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGPGPGAVGAK
FATTY ACID-BINDING PROTEIN, EPIDERMAL OS=HOMO SAPIENS GN=FABP5 PE=1 SV=3 FABP5_HUMAN
MATVQQLEGRWRLVDSKGFDEYMKELGVGIALRKMGAMAKPDCITTCDGKNLTIKTESTLKTTQFSCTLGEKFEETTADGRKTQTVCNFTDGALVQHQEWDGKESTITRKLKDGKLVVECVMNNVTCTRIYEKVE

Digest Matches (Score: 37.90)
Score = 37.900000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = FABP5_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 177 605.411 1813.831 240570.000 3+ 213.453 20 37 22.500 34 - 50 KMGAMAKPDCIITCDGK 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
MSMS 10011112.161 2223.100 155218.000 2+ 96.458 4 8 39.900 35 - 55 MGAMAKPDCIITCDGKNLTIK
Coiled-coil domain-containing protein 43 OS=Homo sapiens GN=CCDC43 PE=1 SV=2 CCD43_HUMAN
MAAPSEVAAIAPGEGDGGGGGFGSWLDGRLEALGVDRAVYGAYILGILQEEEEEEKLDALQGILSAFLEEDSLLNICKEIVERWSETQNVVTKVKKEDEVQAIATLIEKQAQIVVKPRMVSEEEKQRKAALLAQYADV
TDEEDEADEKDDSGATTMNIGSDKLLFRNTNVEDVLNARKLERDSLRDESQRKKEQDKLQRERDKLAKQERKEEKKRTQRGERKR

MW:25232.960
Digest Matches (Score: 36.18)

BioTools Version 3.1 **Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH** **Page -1-**

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:08
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe3_BD3_01_7290.d\Stephie_Probe3_BD3_01_7290.mgf

Score = 36.180000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = CCD43_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 327 896.818 2689.231 143294.000 3+ -294.497 32 36 25.000 1 - 29 MAAPSEVAAIAPGEGDGGGGGFGSWLDGR
Peroxidasin homolog OS=Homo sapiens GN=PXDN PE=1 SV=2 PXDN_HUMAN
MAKRSRGPGRRCLLALVLFCAWGTLAVVAQKPGAGCPSRCLCFRTTVRCMHLLLEAVPAVAPQTSILDLRFNRIREIQPGAFRRLRNLNTLLLNNNQIKRIPSGAFEDLENLKYLYLYKNEIQSIDRQAFKGLASLEQ
LYLHFNQIETLDPDSFQHLPKLERLFLHNNRITHLVPGTFNHLESMKRLRLDSNTLHCDCEILWLADLLKTYAESGNAQAAAICEYPRRIQGRSVATITPEELNCERPRITSEPQDADVTSGNTVVFTCRAEGNPKPE
IIWLRNNNELSMKTDSRLNLLDDGTLMIQNTQETDQGIYQCMAKNVAGEVKTQEVTLRYFGSPARPTFVIQPQNTEVLVGESVTLECSATGHPPPRISWTRGDRTPLPVDPRVNITPSGGLYIQNVVQGDSGEYACSA
TNNIDSVHATAFIIVQALPQFTVTPQDRVVIEGQTVDFQCEAKGNPPPVIAWTKGGSQLSVDRRHLVLSSGTLRISGVALHDQGQYECQAVNIIGSQKVVAHLTVQPRVTPVFASIPSDTTVEVGANVQLPCSSQGEP
EPAITWNKDGVQVTESGKFHISPEGFLTINDVGPADAGRYECVARNTIGSASVSMVLSVNVPDVSRNGDPFVATSIVEAIATVDRAINSTRTHLFDSRPRSPNDLLALFRYPRDPYTVEQARAGEIFERTLQLIQEHV
QHGLMVDLNGTSYHYNDLVSPQYLNLIANLSGCTAHRRVNNCSDMCFHQKYRTHDGTCNNLQHPMWGASLTAFERLLKSVYENGFNTPRGINPHRLYNGHALPMPRLVSTTLIGTETVTPDEQFTHMLMQWGQFLDHD
LDSTVVALSQARFSDGQHCSNVCSNDPPCFSVMIPPNDSRARSGARCMFFVRSSPVCGSGMTSLLMNSVYPREQINQLTSYIDASNVYGSTEHEARSIRDLASHRGLLRQGIVQRSGKPLLPFATGPPTECMRDENES
PIPCFLAGDHRANEQLGLTSMHTLWFREHNRIATELLKLNPHWDGDTIYYETRKIVGAEIQHITYQHWLPKILGEVGMRTLGEYHGYDPGINAGIFNAFATAAFRFGHTLVNPLLYRLDENFQPIAQDHLPLHKAFFS
PFRIVNEGGIDPLLRGLFGVAGKMRVPSQLLNTELTERLFSMAHTVALDLAAINIQRGRDHGIPPYHDYRVYCNLSAAHTFEDLKNEIKNPEIREKLKRLYGSTLNIDLFPALVVEDLVPGSRLGPTLMCLLSTQFKR
LRDGDRLWYENPGVFSPAQLTQIKQTSLARILCDNADNITRVQSDVFRVAEFPHGYGSCDEIPRVDLRVWQDCCEDCRTRGQFNAFSYHFRGRRSLEFSYVQEDKPTKKTRPRKIPSVGRQGEHLSNSTSAFSTRSDAS
GTNDFREFVLEMQKTITDLRTQIKKLESRLSTTECVDAGGESHANNTKWKKDACTICECKDGQVTCFVEACPPATCAVPVNIPGACCPVCLQKRAEEKP

MW:165169.870
Digest Matches (Score: 35.22)
Score = 35.220000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = PXDN_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 766 859.404 859.395 36499.000 1+ 10.091 3 11 32.800 875 - 880 CMFFVR 1: Carbamidomethyl (C)
MSMS 342 606.762 1817.943 172850.000 3+ 180.675 27 35 25.300 114 - 127 YLYLYKNEIQSIDR
Receptor-type tyrosine-protein phosphatase N2 OS=Homo sapiens GN=PTPRN2 PE=1 SV=2 PTPR2_HUMAN
MGPPLPLLLLLLLLLPPRVLPAAPSSVPRGRQLPGRLGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQKVPAMDFYRYEVSPVALQRLRVALQKLSGTGFTWQDDYTQYVMDQELADLPKTYLRRPEASSPARPSKHSVGSERR
YSREGGAALANALRRHLPFLEALSQAPASDVLARTHTAQDRPPAEGDDRFSESILTYVAHTSALTYPPGSRTQLREDLLPRTLGQLQPDELSPKVDSGVDRHHLMAALSAYAAQRPPAPPGEGSLEPQYLLRAPSRMP
RPLLAPAAPQKWPSPLGDSEDPSSTGDGARIHTLLKDLQRQPAEVRGLSGLELDGMAELMAGLMQGVDHGVARGSPGRAALGESGEQADGPKATLRGDSFPDDGVQDDDDDRLYQEVHRLSATLGGLLQDHGSRLLPGA
LPFARPLDMERKKSEHPESSLSSEEETAGVENVKSQTYSKDLLGQQPHSEPGAAAFGELQNQMPGPSKEEQSLPAGAQEALSDGLQLEVQPSEEEARGYIVTDRDPLRPEEGRRLVEDVARLLQVPSSAFADVEVLGP
AVTFKVSANVQNVTTEDVEKATVDNKDKLEETSGLKILQTGVGSKSKLKFLPPQAEQEDSTKFIALTLVSLACILGVLLASGLIYCLRHSSQHRLKEKLSGLGGDPGADATAAYQELCRQRMATRPPDRPEGPHTSRI
SSVSSQFSDGPIPSPSARSSASSWSEEPVQSNMDISTGHMILSYMEDHLKNKNRLEKEWEALCAYQAEPNSSFVAQREENVPKNRSLAVLTYDHSRVLLKAENSHSHSDYINASPIMDHDPRNPAYIATQGPLPATVA
DFWQMVWESGCVVIVMLTPLAENGVRQCYHYWPDEGSNLYHIYEVNLVSEHIWCEDFLVRSFYLKNLQTNETRTVTQFHFLSWYDRGVPSSSRSLLDFRRKVNKCYRGRSCPIIVHCSDGAGRSGTYVLIDMVLNKMA
KGAKEIDIAATLEHLRDQRPGMVQTKEQFEFALTAVAEEVNAILKALPQ

MW:111202.070
Digest Matches (Score: 34.45)
Score = 34.450000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = PTPR2_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 361 962.195 2885.305 571594.000 3+ -254.632 14 34 25.700 37 - 63 LGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQK 3: Carbamidomethyl (C) 25: Carbamidomethyl (C)
MSMS 361 962.195 2885.305 571594.000 3+ -254.632 19 32 25.700 37 - 63 LGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQK 10: Carbamidomethyl (C) 25: Carbamidomethyl (C)
MSMS 361 962.195 2885.305 571594.000 3+ -254.632 21 27 25.700 37 - 63 LGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQK 16: Carbamidomethyl (C) 25: Carbamidomethyl (C)
MSMS 361 962.195 2885.305 571594.000 3+ -254.632 16 18 25.700 37 - 63 LGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQK 3: Carbamidomethyl (C) 16: Carbamidomethyl (C)
MSMS 361 962.195 2885.305 571594.000 3+ -254.632 16 13 25.700 37 - 63 LGCLLEEGLCGASEACVNDGVFGRCQK 3: Carbamidomethyl (C) 10: Carbamidomethyl (C)
Uncharacterized protein FLJ39653 OS=Homo sapiens PE=1 SV=1 YD020_HUMAN
MQPGCAVPQSGRLRGSSRGPGRSGPGMAAAGGGSAVEPRRGGRHHRCPQSARCPAVRSGPLLQTRCPECAGAARQVLALLARPRRRGPGSRSPTPTSAGPACPLFWFHLFCIFMLACYIPWPLSVLWQFPKHLGKKEL
GQLHNRWGRAGEGPRPDRQSFKGWRAGGLSTLSFGTGVRRQPLATTVSLLCRFTWGWTSPFQLWRVTPQRAWCRDHHQLGRWERRCPRLGEGGNLFPAPQVIVARSGEGTVVPRFPVCQLRDSAVLLCLFD

MW:29535.180
Digest Matches (Score: 34.11)
Score = 34.110000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = YD020_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 350 338.217 675.390 100465.000 2+ 55.003 15 11 25.500 13 - 18 LRGSSR
MSMS 238 618.938 1854.888 92474.000 3+ -47.510 35 34 23.600 19 - 39 GPGRSGPGMAAAGGGSAVEPR 9: Oxidation (M)
LONG PALATE, LUNG AND NASAL EPITHELIUM CARCINOMA-ASSOCIATED PROTEIN 3 OS=HOMO SAPIENS GN=LPLUNC3 PE=1 SV=2 LPLC3_HUMAN
MQPVMLALWSLLLLWGLATPCQELLETVGTLARIDKDELGKAIQNSLVGEPILQNVLGSVTAVNRGLLGSGGLLGGGGLLGHGGVFGVVEELSGLKIEELTLPKVLLKLLPGFGVQLSLHTKVGMHCSGPLGGLLQLA
AEVNVTSRVALAVSSRGTPILILKRCSTLLGHISLFSGLLPTPLFGVVEQMLFKVLPGLLCPVVDSVLGVVNELLGAVLGLVSLGALGSVEFSLATLPLISNQYIELDINPIVKSVAGDIIDFPKSRAPAKVPPKKDH
TSQVMVPLYLFNTTFGLLQTNGALDMDITPELVPSDVPLTTTDLAALLPEALGKLPLHQQLLLFLRVREAPTVTLHNKKALVSLPANIHVLFYVPKGTPESLFELNSVMTVRAQLAPSATKLHISLSLERLSVKVASS
FTHAFDGSRLEEWLSHVVGAVYAPKLNVALDVGIPLPKVLNINFSNSVLEIVENAVVLTVAS

Digest Matches (Score: 33.89)
Score = 33.890000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = LPLC3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 353 581.391 1161.615 182910.000 2+ 137.605 7 33 25.500 253 - 263 SVAGDIIDFPK
Golgi SNAP receptor complex member 1 OS=Homo sapiens GN=GOSR1 PE=1 SV=1 GOSR1_HUMAN
MAAGTSSYWEDLRKQARQLENELDLKLVSFSKLCTSYSHSSTRDGRRDRYSSDTTPLLNGSSQDRMFETMAIEIEQLLARLTGVNDKMAEYTNSAGVPSLNAALMHTLQRHRDILQDYTHEFHKTKANFMAIRERENL
MGSVRKDIESYKSGSGVNNRRTELFLKEHDHLRNSDRLIEETISIAMATKENMTSQRGMLKSIHSKMNTLANRFPAVNSLIQRINLRKRRDSLILGGVIGICTILLLLYAFH

MW:28594.590
Digest Matches (Score: 29.09)
Score = 29.090000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = GOSR1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 214 923.464 2768.372 190745.000 3+ 2.016 78 29 23.200 88 - 112 MAEYTNSAGVPSLNAALMHTLQRHR

Abbildung 8-13: Mascot-Report für Histon H2A.

Aufgeführt ist hier eine Liste experimenteller Daten der ersten zehn identifizierten Proteine der Probe, wobei Histon H2A das erste spezifisch identifizierte Protein darstellte.

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

Sequence Name: Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008
MH+ (mono): 1.008
Sequence data:

Intensity Coverage: 0.0 % (0 cnts) Sequence Coverage MS: 0.0%
Sequence Coverage MS/MS: 0.0% pI (isoelectric point): 0.0

Acquisition Parameter:

Processing Parameter:

Display Parameter:
Parentmass: 0.000 Mass Error: -1.008 MH+ (mono): 1.008
MH+ (avg): 1.008 Tolerance (Da): 0.500 Number of Peaks: 0
Above Threshold: 0 Assigned Peaks: 0

Matched Sequences:
Unmatched

Compounds
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
Global peptide results

Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2 H2A1B_HUMAN
MSGRGKQGGKARAKAKTRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYSERVGAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVTIAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK

MW:14126.950
Digest Matches (Score: 85.40)
Score = 85.400000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2A1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 403 472.768 944.531 1833884.000 2+ -2.658 145 46 26.500 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 367 472.843 944.531 1833884.000 2+ 156.320 269 60 25.800 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 748 966.140 1931.169 348209.000 2+ 53.839 90 35 33.100 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
MSMS 740 644.545 1931.169 290990.000 3+ 233.992 27 32 33.000 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGPAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 63.11)
Score = 63.110000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 426.275 851.426 33326.000 2+ 137.532 84 37 21.800 269 - 277 GFSGLDGAK
MSMS 334 581.373 1161.572 159945.000 2+ 143.549 64 32 25.400 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 320 581.394 1161.572 159945.000 2+ 179.738 80 42 25.100 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 755 662.527 1986.040 53603.000 3+ -238.734 8 13 33.200 760 - 781 DGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDK
MSMS 258 691.753 2073.011 77813.000 3+ 112.749 83 41 24.100 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 85 785.957 2356.200 44683.000 3+ -146.036 14 7 19.900 512 - 538 GSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAK
MSMS 318 798.774 2394.227 77760.000 3+ 33.480 16 9 25.100 1067 - 1093 GETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPR
MSMS 172 834.124 2500.222 53526.000 3+ 54.368 18 10 22.300 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK
Histone H2B type 1-J OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BJ PE=1 SV=3 H2B1J_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSAK

MW:13895.580
Digest Matches (Score: 59.89)
Score = 59.890000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1J_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 435 477.335 953.603 228297.000 2+ 62.734 29 29 27.100 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 472 477.427 953.603 228297.000 2+ 255.890 8 8 27.700 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 419 968.338 968.541 95617.000 1+ -209.920 15 8 26.900 118 - 126 AVTKYTSAK
MSMS 746 880.488 1759.814 46782.000 2+ 87.862 8 6 33.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 5: Oxidation (M)
MSMS 645 888.496 1775.809 194506.000 2+ 98.949 515 59 30.800 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
MSMS 672 592.705 1775.809 71647.000 3+ 164.152 80 21 31.300 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 53.03)
Score = 53.030000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 3 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 3: Oxidation (M)
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 2 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 1: Oxidation (M)
MSMS 758 575.394 1723.959 33965.000 3+ 121.064 39 9 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 756 862.657 1723.959 59120.000 2+ 201.900 384 53 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 213 785.401 2354.319 90329.000 3+ -55.495 15 5 23.300 458 - 479 QLQLLKAQLDAAVTFGPSQVAR
Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHYTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVWKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSFSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEKRLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT

BruTools Version 3.1 Copyright © 1999-2007 Bruker Daltonik GmbH Page -1-

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 35.86)
Score = 35.860000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 205 394.759 788.524 123565.000 2+ -16.838 15 35 23.100 964 - 970 KIISSIK
Antigen KI-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 KI67_HUMAN
MWPTRRLVTIKRSGVDGPHFPLSLSTCLFGRGIECDIRIQLPVVSKQHCKIEIHEQEAILHNFSSTNPTQVNGSVIDEPVRLKHGDVITIIDRSFRYENESLQNGRKSTEFPRKIREQEPARRVSRSSFSSDPDEKAQ
DSKAYSKITEGKVSGNPQVHIKNVKEDSTADDSKDSVAQGTTNVHSSEHAGRNGRNAADPISGDFKEISSVKLVSRYGELKSVPTTQCLDNSKKNESPFWKLYESVKKELDVKSQKENVLQYCRKSGLQTDYATEKES
ADGLQGETQLLVSRKSRPKSGGSGHAVAEPASPEQELDQNKGKGRDVESVQTPSKAVGASFPLYEPAKMKTPVQYSQQQNSPQKHKNKDLYTTGRRESVNLGKSEGFKAGDKTLTPRKLSTRNRTPAKVEDAADSATK
PENLSSKTRGSIPTDVEVLPTETEIHNEPFLTLWLTQVERKIQKDSLSKPEKLGTTAGQMCSGLPGLSSVDINNFGDSINESEGIPLKRRRVSFGGHLRPELFDENLPPNTPLKRGEAPTKRKSLVMHTPPVLKKIIK
EQPQPSGKQESGSEIHVEVKAQSLVISPPAPSPRKTPVASDQRRRSCKTAPASSSKSQTEVPKRGGRKSGNLPSKRVSISRSQHDILQMICSKRRSGASEANLIVAKSWADVVKLGAKQTQTKVIKHGPQRSMNKRQR
RPATPKKPVGEVHSQFSTGHANSPCTIIIGKAHTEKVHVPARPYRVLNNFISNQKMDFKEDLSGIAEMFKTPVKEQPQLTSTCHIAISNSENLLGKQFQGTDSGEEPLLPTSESFGGNVFFSAQNAAKQPSDKCSASP
PLRRQCIRENGNVAKTPRNTYKMTSLETKTSDTETEPSKTVSTANRSGRSTEFRNIQKLPVESKSEETNTEIVECILKRGQKATLLQQRREGEMKEIERPFETYKENIELKENDEKMKAMKRSRTWGQKCAPMSDLTD
LKSLPDTELMKDTARGQNLLQTQDHAKAPKSEKGKITKMPCQSLQPEPINTPTHTKQQLKASLGKVGVKEELLAVGKFTRTSGETTHTHREPAGDGKSIRTFKESPKQILDPAARVTGMKKWPRTPKEEAQSLEDLAG
FKELFQTPGPSEESMTDEKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKDIKAFMGTPVQKLDLAGTLPGSKRQLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGHTEELVA
AGKTTKIPCDSPQSDPVDTPTSTKQRPKRSIRKADVEGELLACRNLMPSAGKAMHTPKPSVGEEKDIIIFVGTPVQKLDLTENLTGSKRRPQTPKEEAQALEDLTGFKELFQTPGHTEEAVAAGKTTKMPCESSPPES
ADTPTSTRRQPKTPLEKRDVQKELSALKKLTQTSGETTHTDKVPGGEDKSINAFRETAKQKLDPAASVTGSKRHPKTKEAQPLEDLAGLKELFQTPVCTDKPTTHEKTTKIACRSQPDPVDTPTSSKPQSKRSLRKV
DVEEEFFALRKRTPSAGKAMHTPKPAVSGEKNIYAFMGTPVQKLDLTENLTGSKRRLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTRGHTEESMTNDKTAKVACKSSQPDPDKNPASSKRRLKTSLGKVGVKEELLAVGKLTQTS
GETTHTHTEPTGDGKSMKAFMESPKQILDSAASLTGSKRQLRTPKGKSEVPEDLAGFIELFQTPSHTKESMTNEKTTKVSYRASQPDLVDTPTSSKPQPKRSLRKADTEEEFLAFRKQTPSAGKAMHTPKPAVGEEKD
INTFLGTPVQKLDQPGNLPGSNRRLQTRKEKAQALEELTGFRELFQTPCTDNPTTDEKTTKKILCKSPQSDPADTPTNTKQRPKRSLKKADVEEEFLAFRKLTPSAGKAMHTPKAAVGEEKDINTFVGTPVEKLDLLG
NLPGSKRRPQTPKEKAKALEDLAGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPDPVKTPTSSKQRLKISLGKVGVKEEVLPVGKLTQTSGKTTQTHRETAGDGKSIKAFKESAKQMLDPANYGTGMERWPRTPKEEA
QSLEDLAGFKELFQTPDHTEESTTDDKTTKIACKSPPPESMDTPTSTRRRPKTPLGKRDIVEELSALKQLTQTTHTDKVPGDEDKGINVFRETAKQKLDPAASVTGSKRQPRTPKGKAQPLEDLAGLKELFQTPICTD
KPTTHEKTTKIACRSPQPDPVGTPTIFKPQSKRSLRKADVEEESLALRKRTPSVGKAMDTPKPAGGDEKDMKAFMGTPVQKLDLPGNLPGSKRWPQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGTDKPTTDEKTTKIACKSPQ
PDPVDTPASTKQRPKRNLRKADVEEEFLALRKRTPSAGKAMDTPKPAVSDEKNINTFVETPVQKLDLLGNLPGSKRQPQTPKEKAEALEDLVGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPESFKTSRSSKQRLKI
PLVKVDMKEEPLAVSKLTRTSGETTQTHTEPTGDSKSIKAFKESPKQILDPAASVTGSRRQLRTRKEKARALEDLVDFKELFSAPGHTEESMTIDKNTKIPCKSPPPELTDTATSTKRCPKTRPRKEVKEELSAVERL
TQTSGQSTHTHKEPASGDEGIKVLKQRAKKKPNPVEEEPSRRRPRAPKEKAQPLEDLAGFTELSETSGHTQESLTAGKATKIPCESPPLEVVDTTASTKRHLRTRVQKVQVKEEPSAVKFTQTSGETTDADKEPAGED
KGIKALKESAKQTPAPAASVTGSRRRPRAPRESAQAIEDLAGFKDPAAGHTEESMTDDKTTKIPCKSSPELEDTATSSKRRPRTRAQKVEVKEELLAVGKLTQTSGETTHTDKEPVGEGKGTKAFKQPAKRKLDAEDV
IGSRRQPRAPKEKAQPLEDLASFQELSQTPGHTEELANGAADSFTSAPKQTPDSGKPLKISRRVLRAPKVEPVGDVVSTRDPVKSQSKSNTSLPPLPFKRGGGKDGSVTGTKRLRCMPAPEEIVEELPASKKQRVAPR
ARGKSSEPVVIMKRSLRTSAKRIEPAEELNSNDMKTNKEEHKLQDSVPENKGISLRSRRQNKTEAEQQITEVFVLAERIEINRNEKKPMKTSPEMDIQNPDDGARKPIPRDKVTENKRCLRSARQNESSQPKVAEESG
GQKSAKVLMQNQKGKGEAGNSDSMCLRSRKTKSQPAASTLESKSVQRVTRSVKRCAENPKKAEDNVCVKKIRTRSHRDSEDI

MW:358473.700
Digest Matches (Score: 35.05)
Score = 35.050000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = KI67_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 410 766.012 1530.741 132445.000 2+ 180.376 17 35 26.600 1044 - 1056 FTRTSGETTHTHR
MSMS 100 996.136 1990.921 32654.000 2+ 172.809 3 14 20.500 2101 - 2118 IACKSPPPESMDTPTSTR 3: Carbamidomethyl (C) 11: Oxidation (M)
Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 OS=Homo sapiens GN=SNRPD1 PE=1 SV=1 SMD1_HUMAN
MKLVRFLMKLSHETVTIELKNGTQVHGTITGVDVSMNTHLKAVKMTLKNREPVQLETLSIRGNNIRYFILPDSLPLDTLLVDVEPKVKSKKREAVAGRGRGRGRGRGRGRGRGGPRR

MW:13273.360
Digest Matches (Score: 34.03)
Score = 34.030000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = SMD1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 9491144.182 2287.247 84620.000 2+ 47.917 18 34 38.100 67 - 86 YFILPDSLPLDTLLVDVEPK
Vasculin OS=Homo sapiens GN=GPBP1 PE=1 SV=1 GPBP1_HUMAN
MAQHDFAPAWLNFPTPPSSTKSSLNFEKHSENFAWTENRYDVNRRRHNSSDGFDSAIGRPNGGNFGRKEKNGWRTHGRNGTENINHRGGYHGGSSRSRSSIFHAGKSQGLHENNIPDNETGRKEDKRERKQFEAEDFP
SLNPEYEREPNHNKSLAAGVWEYPPNPKSRAPRMLVIKKGNTKDLQLSGFPVVGNLPSQPVKNGTGPSVYKGLVPKPAAPPTKPTQWKSQTKENKVGTSFPHESTFGVGNFNAFKSTAKNFSPSTNSVKECNRSNSSS
PVDKLNQQPRLTKLTRMRTDKKSEFLKALKRDRVEEEHEDESRAGSEKDDDSFNLHNSNSTHQERDINRNFDENEIPQENGNASVISQQIIRSSTFPQTDVLSSSLEAEHRLLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMRE
FQVISEQLQKNGLRKNGILKNGLICDFKFGPWKNSTFKPTTENDDTETSSSDTSDDDDV

MW:53306.930
Digest Matches (Score: 33.30)
Score = 33.300000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = GPBP1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 547.327 1639.749 60402.000 3+ 132.521 71 33 24.100 258 - 271 NFSPSTNSVKECNR 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 4991029.161 3085.307 58725.000 3+ 52.324 11 3 28.100 388 - 413 LLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMR 25: Oxidation (M)
Collagen alpha-1(II) chain OS=Homo sapiens GN=COL2A1 PE=1 SV=3 CO2A1_HUMAN
MIRLGAPQTLVLLTLLVAAVLRCQGQDVQEAGSCVQDGQRYNDKDVWKPEPCRICVCDTGTVLCDDIICEDVKDCLSPEIPFGECCPICPTDLATASGQPGPKGQKGEPGDIKDIVGPKGPPGPQGPAGEQGPRGDRG
DKGEKGAPGPRGRDGEPGTPGNPGPPGPPGPPGPLGGNFAAQMAGGFDEKAGGAQLGVMQGPMGPMGPRGPPGPAGAPGPQGPQGNPGEPGEPGVSGPMGPRGPPGPPGKPGDDGEAGKPGKAGERGPPGPQGARG
FPGTPGLPGVKGHRGYPGLDGAKGEAGAPGVKGESGSPGENGSPGPMGPRGLPGERGRTGPAGAAGARGNDGQPGPAGPPGPVPGAPGGPGFPGAPGAKGEAGPTGARGPEGAQGPRGEPGTPGSPGPAGASGNPGTDG
IPGAKGSAGAPGIAGAPGFPGPRGPPGPQGATGPLGPKGQTGEPGIAGFKGEQGPKGEPGPAGPQGAPGPAGEEGKRGARGEPGGVGPIGPPGERGAPGNRGFPGQDGLAGPKGAPGERGPSGLAGPKGANGDPGRPG
EPGLPGARGLTGRPGDAGPQGKVGPSGAPGEDGRPGPPGPQGARGQPGVMGFPGPKGANGEPGKAGEKGLPGAPGLRGLPGKDGETGAAGPPGPAGPAGERGEQGAPGPSGPQGLPGPPGPPGEGKPGDQGVPGEAG
APGLVGPRGERGFPGERGSPGAQGLQGPRGLPGTPGTDGPKGASGPAGPPGAQGPPGLQGMPGERGAAGIAGPKGDRGDVGEKGPEGAPGKDGGRGLTGPIGPPGPAGANGEKGEVGPPGPAGSAGARGAPGERGETG
PPGPAGFAGPPGADGQPGAKGEQGEAGQKGDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPKGARGAQGPPGATGFPGAAGRVGPPGSNGNPGPPGPPGSGKDGPKGARGDSGPPGRAGEPGLQGPAGPPGEKGEPGDDGPSG
AEGPPGPQGLAGQRGIVGLPGQRGERGFPGLPGPSGEPGKQGAPGASGDRGPPGPVGPPGLTGPAGEPGREGSPGADGPPGRDGAAGVKGDRGETGAVGAPGAPGPPGSPGPAGPTGKQGDRGEAGAQGPMGPSGPAG
ARGIQGPQGPRGDKGEAGEPGERGLKGHRGFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPRGPPGPVGPSGKDGANGIPGPIGPPGPRGRSGETGPAGPPGNPGPPGPPGPPGPGIDMSAFAGLGPREKGPDPLQYMRAD
QAAGGLRQHDAEVDATLKSLNNQIESIRSPEGSRKNPARTCRDLKLCHPEWKSGDYWIDPNQGCTLDAMKVFCNMETGETCVYPNPANVPKKNWWSSKSKEKKHIWFGETINGGFHFSYGDDNLAPNTANVQMTFLRL
LSTEGSQNITYHCKNSIAYLDEAAGNLKKALLIQGSNDVEIRAEGNSRFTYTALKDGCTKHTGKWGKTVIEYRSQKTSRLPIIDIAPMDIGGPEQEFGVDIGPVCFL

MW:141698.500
Digest Matches (Score: 33.25)
Score = 33.250000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = CO2A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 402 891.837 2673.302 117287.000 3+ 72.907 26 33 26.500 1134 - 1163 GFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPR
Sprouty-related, EVH1 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SPRED1 PE=1 SV=2 SPRE1_HUMAN
MSEETATSDNDNSYARVRAVVMTRDDSSGGWLPLGGSGLSSVTVFKVPHQEENGCADFFIRGERLRDKMVVLECMLKKDLIYNKVTPTFHHWKIDDKKFGLTFQSPADARAFDRGIRRAIEDISQGCPESKNEAEGAD
DLQANEEDSSSSLVKDHLFQQETVVTSEPYRSSNIRPSPFEDLNARRVYMQSQANQITFGQPGLDIQSRSMEYVQRQISKECGSLKSQNRVPLKSIRHVSFQDEDEIVRINPRDILIRRYADYRHPDMWKNDLERDDA
DSSIQFSKPDSKKSDYLYSCGDETKLSSPKDSVVFKTQPSSLKIKKSKRRKEDGERSRCVYCQERFNHEENVRGKCQDAPDPIKRCIYQVSCMLCAESMLYHCMSDSEGDFSDPCSCDTSDDKFCLRWLALVALSFIV
PCMCCYVPLRMCHRCGEACGCCGGKHKAAG

MW:50444.160
Digest Matches (Score: 29.10)
Score = 29.100000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = SPRE1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 291 812.501 812.535 79061.000 1+ -42.180 13 6 24.600 229 - 235 VPLKSIR
MSMS 908 529.769 1587.541 75962.000 3+ -156.778 4 7 36.900 425 - 439 MCHRCGEACGCCGGK 1: Oxidation (M) 2: Carbamidomethyl (C)
MSMS 257 547.327 1639.745 60402.000 3+ 135.389 65 29 24.100 274 - 288 DDADSSIQFSKPDSK
Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2 H2A1B_HUMAN
MSGRGKQGGKARAKAKTRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYSERVGAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVTIAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

MW:14126.950
Digest Matches (Score: 85.40)
Score = 85.400000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2A1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 403 472.768 944.531 1833884.000 2+ -2.658 145 46 26.500 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 367 472.843 944.531 1833884.000 2+ 156.320 269 60 25.800 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 748 966.140 1931.169 348209.000 2+ 53.839 90 35 33.100 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
MSMS 740 644.545 1931.169 290990.000 3+ 233.992 27 32 33.000 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 63.11)
Score = 63.110000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 426.275 851.426 33326.000 2+ 137.532 84 37 21.800 269 - 277 GFSGLDGAK
MSMS 334 581.373 1161.572 159945.000 2+ 143.549 64 32 25.400 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 320 581.394 1161.572 159945.000 2+ 179.738 80 42 25.100 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 755 662.527 1986.040 53603.000 3+ -238.734 8 13 33.200 760 - 781 DGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDK
MSMS 258 691.753 2073.011 77813.000 3+ 112.749 83 41 24.100 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 85 785.957 2356.200 44683.000 3+ -146.036 14 7 19.900 512 - 538 GSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAK
MSMS 318 798.774 2394.227 77760.000 3+ 33.480 16 9 25.100 1067 - 1093 GETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPR
MSMS 172 834.124 2500.222 53526.000 3+ 54.368 18 10 22.300 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK
Histone H2B type 1-J OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BJ PE=1 SV=3 H2B1J_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSAK

MW:13895.580
Digest Matches (Score: 59.89)
Score = 59.890000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1J_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 435 477.335 953.603 228297.000 2+ 62.734 29 29 27.100 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 472 477.427 953.603 228297.000 2+ 255.890 8 8 27.700 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 419 968.338 968.541 95617.000 1+ -209.920 15 8 26.900 118 - 126 AVTKYTSAK
MSMS 746 880.488 1759.814 46782.000 2+ 87.862 8 6 33.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 5: Oxidation (M)
MSMS 645 888.496 1775.809 194506.000 2+ 98.949 515 59 30.800 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
MSMS 672 592.705 1775.809 71647.000 3+ 164.152 80 21 31.300 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 53.03)
Score = 53.030000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 3 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 3: Oxidation (M)
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 2 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 1: Oxidation (M)
MSMS 758 575.394 1723.959 33965.000 3+ 121.064 39 9 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 756 862.657 1723.959 59120.000 2+ 201.900 384 53 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 213 785.401 2354.319 90329.000 3+ -55.495 15 5 23.300 458 - 479 QLQLLKAQLDAAVTFGPSQVAR
Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHYTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVNKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSFSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEKRLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT
KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 35.86)
Score = 35.860000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 205 394.759 788.524 123565.000 2+ -16.838 15 35 23.100 964 - 970 KIISSIK
Antigen KI-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 KI67_HUMAN
MWPTRRLVTIKRSGVDGPHFPLSLSTCLFGRGIECDIRIQLPVVSKQHCKIEIHEQEAILHNFSSTNPTQVNGSVIDEPVRLKHGDVITIIDRSFRYENESLQNGRKSTEFPRKIREQEPARRVSRSSFSSDPDEKAQ
DSKAYSKITEGKVSGNPQVHIKNVKEDSTADDSKDSVAQGTTNVHSSEHAGRNGRNAADPISGDFKEISSVKLVSRYGELKSVPTTQCLDNSKKNESPFWKLYESVKKELDVKSQKENVLQYCRKSGLQTDYATEKES
ADGLQGETQLLVSRKSRPKSGGSGHAVAEPASPEQELDQNKGKGRDVESVQTPSKAVGASFPLYEPAKMKTPVQYSQQQNSPQKHKNKDLYTTGRRESVNLGKSEGFKAGDKTLTPRKLSTRNRTPAKVEDAADSATK
PENLSSKTRGSIPTDVEVLPTETEIHNEPFLTLWLTQVERKIQKDSLSKPEKLGTTAGQMCSGLPGLSSVDINNFGDSINESEGIPLKRRRVSFGGHLRPELFDENLPPNTPLKRGEAPTKRKSLVMHTPPVLKKIIK
EQPQPSGKQESGSEIHVEVKAQSLVISPPAPSPRKTPVASDQRRRSCKTAPASSSKSQTEVPKRGGRKSGNLPSKRVSISRSQHDILQMICSKRRSGASEANLIVAKSWADVVKLGAKQTQTKVIKHGPQRSMNKRQR
RPATPKKPVGEVHSQFSTGHANSPCTIIIGKAHTEKVHVPARPYRVLNNFISNQKMDFKEDLSGIAEMFKTPVKEQPQLTSTCHIAISNSENLLGKQFQGTDSGEEPLLPTSESFGGNVFFSAQNAAKQPSDKCSASP
PLRRQCIRENGNVAKTPRNTYKMTSLETKTSDTETEPSKTVSTANRSGRSTEFRNIQKLPVESKSEETNTEIVECILKRGQKATLLQQRREGEMKEIERPFETYKENIELKENDEKMKAMKRSRTWGQKCAPMSDLTD
LKSLPDTELMKDTARGQNLLQTQDHAKAPKSEKGKITKMPCQSLQPEPINTPTHTKQQLKASLGKVGVKEELLAVGKFTRTSGETTHTHREPAGDGKSIRTFKESPKQILDPAARVTGMKKWPRTPKEEAQSLEDLAG
FKELFQTPGPSEESMTDEKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKDIKAFMGTPVQKLDLAGTLPGSKRQLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGHTEELVA
AGKTTKIPCDSPQSDPVDTPTSTKQRPKRSIRKADVEGELLACRNLMPSAGKAMHTPKPSVGEEKDIIIFVGTPVQKLDLTENLTGSKRRPQTPKEEAQALEDLTGFKELFQTPGHTEEAVAAGKTTKMPCESSPPES
ADTPTSTRRQPKTPLEKRDVQKELSALKKLTQTSGETTHTDKVPGGEDKSINAFRETAKQKLDPAASVTGSKRHPKTKEKAQPLEDLAGLKELFQTPVCTDKPTTHEKTTKIACRSQPDPVDTPTSSKPQSKRSLRKV
DVEEEFALRKRTPSAGKAMHTPKPAVSGEKNIYAFMGTPVQKLDLTENLTGSKRRLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTRGHTEESMTNDKTAKVACKSSQPDPDKNPASSKRRLKTSLGKVGVKEELLAVGKLTQTPS
GETTHTHTEPTGDGKSMKAFMESPKQILDSAASLTGSKRQLRTPKGKSEVPEDLAGFIELFQTPSHTKESMTNEKTTKVSYRASQPDLVDTPTSSKPQPKRSLRKADTEEEFLAFRKQTPSAGKAMHTPKPAVGEEKD
INTFLGTPVQKLDQPGNLPGSNRRLQTRKEKAQALEELTGFRELFQTPCTDNPTTDEKTTKILCKSPQSDPADTPTNTKQRPKRSLKKADVEEEFLAFRKLTPSAGKAMHTPKAAVGEEKDINTFVGTPVEKLDLLG
NLPGSKRRPQTPKEKAKALEDLAGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPDPVKTPTSSKQRLKISLGKVGVKEEVLPVGKLTQTSGKTTQTHRETAGDGKSIKAFKESAKQMLDPANYGTGMERWPRTPKEEA
QSLEDLAGFKELFQTPDHTEESTTDDKTTKIACKSPPPESMDTPTSTRRRPKTPLGKRDIVEELSALKQLTQTTHTDKVPGDEDKGINVFRETAKQKLDPAASVTGSKRQPRTPKGKAQPLEDLAGLKELFQTPICTD
KPTTHEKTTKIACRSPQPDPVGTPTIFKPQSKRSLRKADVEEESLALRKRTPSVGKAMDTPKPAGGDEKDMKAFMGTPVQKLDLPGNLPGSKRWPQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGTDKPTTDEKTTKIACKSPQ

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

PDPVDTPASTKQRPKRNLRKADVEEEFLALRKRTPSAGKAMDTPKPAVSDEKNINTFVETPVQKLDLLGNLPGSKRQPQTPKEKAEALEDLVGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPESFKTSRSSKQRLKI
PLVKVDMKEEPLAVSKLTRTSGETTQTHTEPTGDSKSIKAFKESPKQILDPAASVTGSRRQLRTRKEKARALEDLVDFKELFSAPGHTEESMTIDKNTKIPCKSPPPELTDTATSTKRCPKTRPRKEVKEELSAVERL
TQTSGQSTHTHKEPASGDEGIKVLKQRAKKKPNPVEEEPSRRRPRAPKEKAQPLEDLAGFTELSETSGHTQESLTAGKATKIPCESPPLEVVDTTASTKRHLRTRVQKVQVKEEPSAVKFTQTSGETTDADKEPAGED
KGIKALKESAKQTPAPAASVTGSRRRPRAPRESAQAIEDLAGFKDPAAGHTEESMTDDKTTKIPCKSSPELEDTATSSKRRPRTRAQKVEVKEELLAVGKLTQTSGETTHTDKEPVGEGKGTKAFKQPAKRKLDAEDV
IGSRRQPRAPKEKAQPLEDLASFQELSQTPGHTEELANGAADSFTSAPKQTPDSGKPLKISRRVLRAPKVEPVGDVVSTRDPVKSQSKSNTSLPPLPFKRGGGKDGSVTGTKRLRCMPAPEEIVEELPASKKQRVAPR
ARGKSSEPVVIMKRSLRTSAKRIEPAEELNSNDMKTNKEEHKLQDSVPENKGISLRSRRQNKTEAEQQITEVFVLAERIEINRNEKKPMKTSPEMDIQNPDDGARKPIPRDKVTENKRCLRSARQNESSQPKVAEESG
GQKSAKVLMQNQKGKGEAGNSDSMCLRSRKTKSQPAASTLESKSVQRVTRSVKRCAENPKKAEDNVCVKKIRTRSHRDSEDI

MW:358473.700
Digest Matches (Score: 35.05)
Score = 35.050000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = KI67_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 410 766.012 1530.741 132445.000 2+ 180.376 17 35 26.600 1044 - 1056 FTRTSGETTHTHR
MSMS 100 996.136 1990.921 32654.000 2+ 172.809 3 14 20.500 2101 - 2118 IACKSPPPESMDTPTSTR 3: Carbamidomethyl (C) 11: Oxidation (M)
Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 OS=Homo sapiens GN=SNRPD1 PE=1 SV=1 SMD1_HUMAN
MKLVRFLMKLSHETVTIELKNGTQVHGTITGVDVSMNTHLKAVKMTLKNREPVQLETLSIRGNNIRYFILPDSLPLDTLLVDVEPKVKSKKREAVAGRGRGRGRGRGRGRGRGRGRGGPRR

MW:13273.360
Digest Matches (Score: 34.03)
Score = 34.030000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = SMD1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 9491144.182 2287.247 84620.000 2+ 47.917 18 34 38.100 67 - 86 YFILPDSLPLDTLLVDVEPK
Vasculin OS=Homo sapiens GN=GPBP1 PE=1 SV=1 GPBP1_HUMAN
MAQHDFAPAWLNFPTTPSSTKSSLNFEKHSENFAWTENRYDVNRRRHNSSDGFDSAIGRPNGGNFGRKEKNGWRTHGRNGTENINHRGGYHGGSSRSRSSIFHAGKSQGLHENNIPDNETGRKEDKRERKQFEAEDFP
SLNPEYEREPNHNKSLAAGVWEYPPNPKSRAPRMLVIKKGNTKDLQLSGFPVVGNLPSQPVKNGTGPSVYKGLVPKPAAPPTKPTQWKSQTKENKVGTSFPHESTFGVGNFNAFKSTAKNFSPSTNSVKECNRSNSSS
PVDKLNQQPRLTKLTRMRTDKKSEFLKALKRDRVEEEHEDESRAGSEKDDDSFNLHNSNSTHQERDINRNFDENEIPQENGNASVISQQIIRSSTFPQTDVLSSSLEAEHRLLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMRE
FQVISEQLQKNGLRKNGILKNGLICDFKFGPWKNSTFKPTTENDDTETSSSDTSDDDDV

MW:53306.930
Digest Matches (Score: 33.30)
Score = 33.300000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = GPBP1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 547.327 1639.749 60402.000 3+ 132.521 71 33 24.100 258 - 271 NFSPSTNSVKECNR 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 4991029.161 3085.307 58725.000 3+ 52.324 11 3 28.100 388 - 413 LLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMR 25: Oxidation (M)
Collagen alpha-1(II) chain OS=Homo sapiens GN=COL2A1 PE=1 SV=3 CO2A1_HUMAN
MIRLGAPQTLVLLTLLVAAVLRCQGQDVQEAGSCVQDGQRYNDKDVWKPEPCRICVCDTGTVLCDDIICEDVKDCLSPEIPFGECCPICPTDLATASGQPGPKGQKGEPGDIKDIVGPKGPPGPQGPAGEQGPRGDRG
DKGEKGAPGPRGRDGEPGTPGNPGPPGPPGPPGPLGGNFAAQMAGGFDEKAGGAQLGVMQGPMGPMGPRGPPGPAGAPGPQGPQGNPGEPGEPGVSGPMGPRGPPGPPGKPGDDGEAGKPGKAGERGPPGPQGARG
FPGTPGLPGVKGHRGYPGLDGAKGEAGAPGVKGESGSPGENGSPGPMGPRGLPGERGRTGPAGAAGARGNDGQPGPAGPPGPVGPAGGPGFPGAPGAKGEAGPTGARGPEGAQGPRGEPGTPGSPGPAGASGNPGTDG
IPGAKGSAGAPGIAGAPGFPGPRGPPGPQGATGPLGPKGQTGEPGIAGFKGEQGPKGEPGPAGPQGAPGPAGEEGKRGARGEPGGVGPIGPPGERGAPGNRGFPGQDGLAGPKGAPGERGPSGLAGPKGANGDPGRPG
EPGLPGARGLTGRPGDAGPQGKVGPSGAPGEDGRPGPPGPQGARGQPGVMGFPGPKGANGEPGKAGEKGLPGAPGLRGLPGKDGETGAAGPPGPAGPAGERGEQGAPGPSGPQGLPGPPGPPGEGGKPGDQGVPGEAG
APGLVGPRGERGFPGERGSPGAQGLQGPRGLPGTPGTDGPKGASGPAGPPGAQGPPGLQGMPGERGAAGIAGPKGDRGDVGEKGPEGAPGKDGGRGLTGPIGPPGPAGANGEKGEVGPPGPAGSAGARGAPGERGETG
PPGPAGFAGPPGADGQPGAKGEQGEAGQKGDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPKGARGAQGPPGATGFPGAAGRVGPPGSNGNPGPPGPPGPSGKDGPKGARGDSGPPGRAGEPGLQGPAGPPGEKGEPGDDGPSG
AEGPPGPQGLAGQRGIVGLPGQRGERGFPGLPGPSGEPGKQGAPGASGDRGPPGPVGPPGLTGPAGEPGREGSPGADGPPGRDGAAGVKGDRGETGAVGAPGAPGPPGSPGPAGPTGKQGDRGEAGAQGPMGPSGPAG
ARGIQGPQGPRGDKGEAGEPGERGLAGHRGPTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPRGPPGPVGPSGKDGANGIPGPIGPPGPRGRSGETGPAGPPGNPGPPGPPGPPGPGIDMSAFAGLGPREKGPDPLQYMRAD
QAAGGLRQHDAEVDATLKSLNNQIESIRSPEGSRKNPARTCRDLKLCHPEWKSGDYWIDPNQGCTLDAMKVFCNMETGETCVYPNPANVPKKNWWSSKSKEKKHIWFGETINGGFHFSYGDDNLAPNTANVQMTFLRL
LSTEGSQNITYHCKNSIAYLDEAAGNLKKALLIQGSNDVEIRAEGNSRFTYTALKDGCTKHTGKWGKTVIEYRSQKTSRLPIIDIAPMDIGGPEQEFGVDIGPVCFL

MW:141698.500
Digest Matches (Score: 33.25)
Score = 33.250000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = CO2A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 402 891.837 2673.302 117287.000 3+ 72.907 26 33 26.500 1134 - 1163 GFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPR
Sprouty-related, EVH1 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SPRED1 PE=1 SV=2 SPRE1_HUMAN
MSEETATSDNDNSYARVRAVVMTRDDSSGGWLPLGGSGLSSVTVFKVPHQEENGCADPFIRGERLRDKMVVLECMLKKDLIYNKVTPTFHHWKIDDKKFGLTFQSPADARAFDRGIRRAIEDISQGCPESKNEAEGAD
DLQANEEDSSSSLVKDHLFQQETVVTSEPYRSSNIRPSPFEDLNARRVYMQSQANQITFGQPGLDIQSRSMEYVQRQISKECGSLKSQNRVPLKSIRHVSFQDEDEIVRINPRDILIRRYADYRHPDMWKNDLERDDA
DSSIQFSKPDSKKSDYLYSCGDETKLSSPKDSVVFKTQPSSLKIKKSKRRKEDGERSRCVYCQERFNHEENVRGKCQDAPDPIKRCIYQVSCMLCAESMLYHCMSDSEGDFSDPCSCDTSDDKFCLRWLALVALSFIV
PCMCCYVPLRMCHRCGEACGCCGGKHKAAG

MW:50444.160
Digest Matches (Score: 29.10)
Score = 29.100000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = SPRE1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 291 812.501 812.535 79061.000 1+ -42.180 13 6 24.600 229 - 235 VPLKSIR
MSMS 908 529.769 1587.541 75962.000 3+ -156.778 4 7 36.900 425 - 439 MCHRCGEACGCCGGK 1: Oxidation (M) 2: Carbamidomethyl (C)
MSMS 257 547.327 1639.745 60402.000 3+ 135.389 65 29 24.100 274 - 288 DDADSSIQFSKPDSK
Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2 H2A1B_HUMAN
MSGRGKQGGKARAKAKTRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYSERVGAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVTIAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK

MW:14126.950
Digest Matches (Score: 85.40)
Score = 85.400000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2A1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 403 472.768 944.531 1833884.000 2+ -2.658 145 46 26.500 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 367 472.843 944.531 1833884.000 2+ 156.320 269 60 25.800 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 748 966.140 1931.169 348209.000 2+ 53.839 90 35 33.100 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
MSMS 740 644.545 1931.169 290990.000 3+ 233.992 27 32 33.000 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGPAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPGPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 63.11)
Score = 63.110000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 426.275 851.426 33326.000 2+ 137.532 84 37 21.800 269 - 277 GFSGLDGAK

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

MSMS 334 581.373 1161.572 159945.000 2+ 143.549 64 32 25.400 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 320 581.394 1161.572 159945.000 2+ 179.738 80 42 25.100 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 755 662.527 1986.040 53603.000 3+ -238.734 8 13 33.200 760 - 781 DGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDK
MSMS 258 691.753 2073.011 77813.000 3+ 112.749 83 41 24.100 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 85 785.957 2356.200 44683.000 3+ -146.036 14 7 19.900 512 - 538 GSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAK
MSMS 318 798.774 2394.227 77760.000 3+ 33.480 16 9 25.100 1067 - 1093 GETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPR
MSMS 172 834.124 2500.222 53526.000 3+ 54.368 18 10 22.300 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK

Histone H2B type 1-J OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BJ PE=1 SV=3 H2B1J_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSAK

MW:13895.580
Digest Matches (Score: 59.89)
Score = 59.890000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1J_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 435 477.335 953.603 228297.000 2+ 62.734 29 29 27.100 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 472 477.427 953.603 228297.000 2+ 255.890 8 8 27.700 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 419 968.338 968.541 95617.000 1+ -209.920 15 8 26.900 118 - 126 AVTKYTSAK
MSMS 746 880.488 1759.814 46782.000 2+ 87.862 8 6 33.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 5: Oxidation (M)
MSMS 645 888.496 1775.809 194506.000 2+ 98.949 515 59 30.800 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
MSMS 672 592.705 1775.809 71647.000 3+ 164.152 80 21 31.300 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)

Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 53.03)
Score = 53.030000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 3 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 3: Oxidation (M)
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 2 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 1: Oxidation (M)
MSMS 758 575.394 1723.959 33965.000 3+ 121.064 39 9 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 756 862.657 1723.959 59120.000 2+ 201.900 384 53 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 213 785.401 2354.319 90329.000 3+ -55.495 15 5 23.300 458 - 479 QLQLLKAQLDAAVTFGPSQVAR

Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHYTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVNKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSPSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEKRLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT
KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 35.86)
Score = 35.860000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 205 394.759 788.524 123565.000 2+ -16.838 15 35 23.100 964 - 970 KIISSIK

Antigen KI-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 KI67_HUMAN
MWPTRRLVTIKRSGVDGPHFPLSLSTCLFGRGIECDIRIQLPVVSKQHCKIEIHEQEAILHNFSSTNPTQVNGSVIDEPVRLKHGDVITIIDRSFRYENESLQNGRKSTEFPRKIREQEPARRVSRSSFSSDPDEKAQ
DSKAYSKITEGKVSGNPQVHIKNVKEDSTADDSKDSVAQGTTNVHSSEHAGRNGRNAADPISGDFKEISSVKLVSRYGELKSVPTTQCLDNSKKNESPFWKLYESVKKELDVKSQKENVLQYCRKSGLQTDYATEKES
ADGLQGETQLLVSRKSRPKSGGSGHAVAEPASPEQELDQNKGKGRDVESVQTPSKAVGASFPLYEPAKMKTPVQYSQQQNSPQKHKNKDLYTTGRRESVNLGKSEGFKAGDKTLTPRKLSTRNRTPAKVEDAADSATK
PENLSSKTRGSIPTDVEVLPTETEIHNEPFLTLWLTQVERKIQKDSLSKPEKLGTTAGQMCSGLPGLSSVDINNFGDSINESEGIPLKRRRVSFGGHLRPELFDENLPPNTPLKRGEAPTKRKSLVMHTPPVLKKIIK
EQPQPSGKQESGSEIHVEVKAQSLVISPPAPSPRKTPVASDQRRRSCKTAPASSSKSQTEVPKRGGRKSGNLPSKRVSISRSQHDILQMICSKRRSGASEANLIVAKSWADVVKLGAKQTQTKVIKHGPQRSMNKRQR
RPATPKKPVGEVHSQFSTGHANSPCTIIIGKAHTEKVHVPARPYRVLNNFISNQKMDFKEDLSGIAEMFKTPVKEQPQLTSTCHIAISNSENLLGKQFQGTDSGEEPLLPTSESFGGNVFFSAQNAAKQPSDKCSASP
PLRRQCIRENGNVAKTPRNTYKMTSLETKTSDTETEPSKTVSTANRSGRSTEFRNIQKLPVESKSEETNTEIVECILKRGQKATLLQQRREGEMKEIERPFETYKENIELKENDEKMKAMKRSRTWGQKCAPMSDLTD
LKSLPDTELMKDTARGQNLLQTQDHAKAPKSEKGKITKMPCQSLQPEPINTPTHTKQQLKASLGKVGVKEELLAVGKFTRTSGETTHTHREPAGDGKSIRTFKESPKQILDPAARVTGMKKWPRTPKEEAQSLEDLAG
FKELFQTPGPSEESMTDEKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKDIKAFMGTPVQKLDLAGTLPGSKRQLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGHTEELVA
AGKTTKIPCDSPQSDPVDTPTSTKQRPKRSIRKADVEGELLACRNLMPSAGKAMHTPKPSVGEEKDIIIFVGTPVQKLDLTENLTGSKRRPQTPKEEAQALEDLTGFKELFQTPGHTEEAVAAGKTTKMPCESSPPES
ADTPTSTRRQPKTPLEKRDVQKELSALKKLTQTSGETTHTDKVPGGEDKSINAFRETAKQKLDPAASVTGSKRHPKTKEKAQPLEDLAGLKELFQTPVCTDKPTTHEKTTKIACRSQPDPVDTPTSSKPQSKRSLRKV
DVEEEFFALRKRTPSAGKAMHTPKPAVSGEKNIYAFMGTPVQKLDLTENLTGSKRRLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTRGHTEESMTNDKTAKVACKSSQPDPDKNPASSKRRLKTSLGKVGVKEELLAVGKLTQTPS
GETTHTHTEPTGDGKSMKAFMESPKQILDSAASLTGSKRQLRTPKGKSEVPEDLAGFIELFQTPSHTKESMTNEKTTKVSYRASQPDLVDTPTSSKPQPKRSLRKADTEEEFLAFRKQTPSAGKAMHTPKPAVGEEKD
INTFLGTPVQKLDQPGNLPGSNRRLQTRKEKAQALEELTGFRELFQTPCTDNPTTDEKTTKKILCKSPQSDPADTPTNTKQRPKRSLKKADVEEEFLAFRKLTPSAGKAMHTPKAAVGEEKDINTFVGTPVEKLDLLG
NLPGSKRRPQTPKEKAKALEDLAGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPDPVKTPTSSKQRLKISLGKVGVKEEVLPVGKLTQTSGKTTQTHRETAGDGKSIKAFKESAKQMLDPANYGTGMERWPRTPKEEA
QSLEDLAGFKELFQTPDHTEESTTDDKTTKIACKSPPPESMDTPTSTRRRPKTPLGKRDIVEELSALKQLTQTTHTDKVPGDEDKGINVFRETAKQKLDPAASVTGSKRQPRTPKGKAQPLEDLAGLKELFQTPICTD
KPTTHEKTTKIACRSPQPDPVGTPTIFKPQSKRSLRKADVEEESLALRKRTPSVGKAMDTPKPAGGDEKDMKAFMGTPVQKLDLPGNLPGSKRWPQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGTDKPTTDEKTTKIACKSPQ
PDPVDTPASTKQRPKRNLRKADVEEEFLALRKRTPSAGKAMDTPKPAVSDEKNINTFVETPVQKLDLLGNLPGSKRQPQTPKEKAEALEDLVGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPESFKTSRSSKQRLKI
PLVKVDMKEEPLAVSKLTRTSGETTQTHTEPTGDSKSIKAFKESPKQILDPAASVTGSRRQLRTRKEKARALEDLVDFKELFSAPGHTEESMTIDKNTKIPCKSPPPELTDTATSTKRCPKTRPRKEVKEELSAVERL
TQTSGQSTHTHKEPASGDEGIKVLKQRAKKKPNPVEEEPSRRRPRAPKEKAQPLEDLAGFTELSETSGHTQESLTAGKATKIPCESPPLEVVDTTASTKRHLRTRVQKVQVKEEPSAVKFTQTSGETTDADKEPAGED
KGIKALKESAKQTPAPAASVTGSRRRPRAPRESAQAIEDLAGFKDPAAGHTEESMTDDKTTKIPCKSSPELEDTATSSKRRPRTRAQKVEVKEELLAVGKLTQTSGETTHTDKEPVGEGKGTKAFKQPAKRKLDAEDV
IGSRRQPRAPKEKAQPLEDLASFQELSQTPGHTEELANGAADSFTSAPKQTPDSGKPLKISRRVLRAPKVEPVGDVVSTRDPVKSQSKSNTSLPPLPFKRGGGKDGSVTGTKRLRCMPAPEEIVEELPASKKQRVAPR
ARGKSSEPVVIMKRSLRTSAKRIEPAEELNSNDMKTNKEEHKLQDSVPENKGISLRSRRQNKTEAEQQITEVFVLAERIEINRNEKKPMKTSPEMDIQNPDDGARKPIPRDKVTENKRCLRSARQNESSQPKVAEESG
GQKSAKVLMQNQKGKGEAGNSDSMCLRSRKTKSQPAASTLESKSVQRVTRSVKRCAENPKKAEDNVCVKKIRTRSHRDSEDI

MW:358473.700
Digest Matches (Score: 35.05)
Score = 35.050000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = KI67_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 410 766.012 1530.741 132445.000 2+ 180.376 17 35 26.600 1044 - 1056 FTRTSGETTHTHR
MSMS 100 996.136 1990.921 32654.000 2+ 172.809 3 14 20.500 2101 - 2118 IACKSPPPESMDTPTSTR 3: Carbamidomethyl (C) 11: Oxidation (M)

Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 OS=Homo sapiens GN=SNRPD1 PE=1 SV=1 SMD1_HUMAN
MKLVRFLMKLSHETVTIELKNGTQVHGTITGVDVSMNTHLKAVKMTLKNREPVQLETLSIRGNNIRYFILPDSLPLDTLLVDVEPKVKSKKREAVAGRGRGRGRGRGRGRGRGGPRR

MW:13273.360
Digest Matches (Score: 34.03)
Score = 34.030000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = SMD1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 9491144.182 2287.247 84620.000 2+ 47.917 18 34 38.100 67 - 86 YFILPDSLPLDTLLVDVEPK

Vasculin OS=Homo sapiens GN=GPBP1 PE=1 SV=1 GPBP1_HUMAN
MAQHDFAPAWLNFPTPPSSTKSSLNFEKHSENFAWTENRYDVNRRRHNSSDGFDSAIGRPNGGNFGRKEKNGWRTHGRNGTENINHRGGYHGGSSRSRSSIFHAGKSQGLHENNIPDNETGRKEDKRERKQFEAEDFP
SLNPEYEREPNHNKSLAAGVWEYPPNPKSRAPRMLVIKKGNTKDLQLSGFPVVGNLPSQPVKNGTGPSVYKGLVPKPAAPPTKPTQWKSQTKENKVGTSFPHESTFGVGNFNAFKSTAKNFSPSTNSVKECNRSNSSS
PVDKLNQQPRLTKLTRMRTDKKSEFLKALKRDRVEEEHEDESRAGSEKDDDSFNLHNSNSTHQERDINRNFDENEIPQENGNASVISQQIIRSSTFPQTDVLSSSLEAEHRLLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMRE
FQVISEQLQKNGLRKNGILKNGLICDFKFGPWKNSTFKPTTENDDTETSSSDTSDDDDV

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

MW:53306.930
Digest Matches (Score: 33.30)
Score = 33.300000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = GPBP1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 547.327 1639.749 60402.000 3+ 132.521 71 33 24.100 258 - 271 NFSPSTNSVKECNR 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 4991029.161 3085.307 58725.000 3+ 52.324 11 3 28.100 388 - 413 LLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMR 25: Oxidation (M)
Collagen alpha-1(II) chain OS=Homo sapiens GN=COL2A1 PE=1 SV=3 CO2A1_HUMAN
MIRLGAPQTLVLLTLLVAAVLRCQGQDVQEAGSCVQDGQRYNDKDVWKPEPCRICVCDTGTVLCDDIICEDVKDCLSPEIPFGECCPICPTDLATASGQPGPKGQKGEPGDIKDIVGPKGPPGPQGPAGEQGPRGDRG
DKGEKGAPGPRGRDGEPGTPGNPGPPGPPGPPGPPGPLGGNFAAQMAGGFDEKAGGAQLGVMQGPMGPMGPRGPPGPAGAPGPQGPQGNPGEPGEPGVSGPMGPRGPPGPPGKPGDDGEAGKPGKAGERGPPGPQGARG
FPGTPGLPGVKGHRGYPGLDGAKGEAGAPGVKGESGSPGENGSPGPMGPRGLPGERGRTGPAGAAGARGNDGQPGPAGPPGPVGPAGGPGFPGAPGAKGEAGPTGARGPEGAQGPRGEPGTPGSPGPAGASGNPGTDG
IPGAKGSAGAPGIAGAPGFPGPRGPPGPGQGATGPLGPKGQTGEPGIAGFKGEQGPKGEPGPAGPQGAPGPAGEEGKRGARGEPGGVGPIGPPGERGAPGNRGFPGQDGLAGPKGAPGERGPSGLAGPKGANGDPGRPG
EPGLPGARGLTGRPGDAGPQGKVGPSGAPGEDGRPGPPGPQGARGQPGVMGFPGPKGANGEPGKAGEKGLPGAPGLRGLPGKDGETGAAGPPGPAGPAGERGEQGAPGPSGPQGLPGPPGPPGEGGKPGDQGVPGEAG
APGLVGPRGERGFPGERGSPGAQGLQGPRGLPGTPGTDGPKGASGPAGPPGAQGPPGLQGMPGERGAAGIAGPKGDRGDVGEKGPEGAPGKDGGRGLTGPIGPPGPAGANGEKGEVGPPGPAGSAGARGAPGERGETG
PPGPAGFAGPPGADGQPGAKGEQGEAGQKGDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPKGARGAQGPPGATGFPGAAGRVGPPGSNGNPGPPGPPGPSGKDGPKGARGDSGPPGRAGEPGLQGPAGPPGEKGEPGDDGPSG
AEGPPGPQGLAGQRGIVGLPQGRGERGFPGLPGPSGEPGKQGAPGASGDRGPPGPVGPPGLTGPAGEPGREGSPGADGPPGRDGAAGVKGDRGETGAVGAPGAPGPPGSPGPAGPTGKQGDRGEAGAQGPMGPSGPAG
ARGIQGPQGPRGDKGEAGEPGERGLGKHRGPTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPRGPPGPVGPSGKDGANGIPGPIGPPGPRGRSGETGPAGPPGNPGPPGPPGPPGPGPGIDMSAFAGLGPREKGPDPLQYMRAD
QAAGGLRQHDAEVDATLKSLNNQIESIRSPEGSRKNPARTCRDLKLCHPEWKSGDYWIDPNQGCTLDAMKVFCNMETGETCVYPNPANVPKKNWWSSKSKEKKHIWFGETINGGFHFSYGDDNLAPNTANVQMTFLRL
LSTEGSQNITYHCKNSIAYLDEAAGNLKKALLIQGSNDVEIRAEGNSRFTYTALKDGCTKHTGKWGKTVIEYRSQKTSRLPIIDIAPMDIGGPEQEFGVDIGPVCFL

MW:141698.500
Digest Matches (Score: 33.25)
Score = 33.250000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = CO2A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 402 891.837 2673.302 117287.000 3+ 72.907 26 33 26.500 1134 - 1163 GFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPR
Sprouty-related, EVH1 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SPRED1 PE=1 SV=2 SPRE1_HUMAN
MSEETATSDNDNSYARVRAVVMTRDDSSGGWLPLGGSGLSSVTVFKVPHQEENGCADPFIRGERLRDKMVVLECMLKKDLIYNKVTPTFHHWKIDDKKFGLTFQSPADARAFDRGIRRAIEDISQGCPESKNEAEGAD
DLQANEEDSSSSLVKDHLFQQETVVTSEPYRSSNIRPSPFEDLNARRVYMQSQANQITFGQPGLDIQSRSMEYVQRQISKECGSLKSQNRVPLKSIRHVSFQDEDEIVRINPRDILIRRYADYRHPDMWKNDLERDDA
DSSIQFSKPDSKKSDYLYSCGDETKLSSPKDSVVFKTQPSSLKIKKSKRRKEDGERSRCVYCQERFNHEENVRGKCQDAPDPIKRCIYQVSCMLCAESMLYHCMSDSEGDFSDPCSCDTSDDKFCLRWLALVALSFIV
PCMCCYVPLRMCHRCGEACGCCGGKHKAAG

MW:50444.160
Digest Matches (Score: 29.10)
Score = 29.100000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = SPRE1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 291 812.501 812.535 79061.000 1+ -42.180 13 6 24.600 225 - 235 VPLKSIR
MSMS 908 529.769 1587.541 75962.000 3+ -156.778 4 7 36.900 425 - 439 MCHRCGEACGCCGGK 1: Oxidation (M) 2: Carbamidomethyl (C)
MSMS 257 547.327 1639.745 60402.000 3+ 135.389 65 29 24.100 274 - 288 DDADSSIQFSKPDSK
Histone H2A type 1-B/E OS=Homo sapiens GN=HIST1H2AB PE=1 SV=2 H2A1B_HUMAN
MSGRGKQGGKARAKAKTRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYSERVGAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVTIAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK

MW:14126.950
Digest Matches (Score: 85.40)
Score = 85.400000, Rank = 1, Database = SwissProt, Accesskey = H2A1B_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 403 472.768 944.531 1833884.000 2+ -2.658 145 46 26.500 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 367 472.843 944.531 1833884.000 2+ 156.320 269 60 25.800 22 - 30 AGLQFPVGR
MSMS 748 966.140 1931.169 348209.000 2+ 53.839 90 35 33.100 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
MSMS 740 644.545 1931.169 290990.000 3+ 233.992 27 32 33.000 101 - 119 VTIAQGGVLPNIQAVLLPK
Collagen alpha-1(I) chain OS=Homo sapiens GN=COL1A1 PE=1 SV=5 CO1A1_HUMAN
MFSFVDLRLLLLLAATALLTHGQEEGQVEGQDEDIPPITCVQNGLRYHDRDVWKPEPCRICVCDNGKVLCDDVICDETKNCPGAEVPEGECCPVCPDGSESPTDQETTGVEGPKGDTGPRGPRGPAGPPGRDGIPGQP
GLPGPPGPPGPPGPPGLGGNFAPQLSYGYDEKSTGGISVPGPMGPSGPRGLPGPPGAPGPQGFQGPPGEPGEPGASGPMGPRGPPGPPGKNGDDGEAGKPGRPGERGPPGPQGARGLPGTAGLPGMKGHRGFSGLDGA
KGDAGPAGPKGEPGSPGENGAPGQMGPRGLPGERGRPGAPGPAGARGNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAKGEAGPQGPRGSEGPQGVRGEPGPPGPAGAAGPAGNPGADGQPGAKGANGAPGIAGAPGFPGA
RGPSGPQGPGGPPGPKGNSGEPGAPGSKGDTGAKGEPGPVGVQGPPGPAGEEGKRGARGEPGPTGLPGPPGERGGPGSRGFPGADGVAGPKGPAGERGSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAKGLTGSPGSPGPDGK
TGPPGPAGQDGRPGPPGPPGARGQAGVMGFPGPKGAAGEPGKAGERGVPGPPGAVGPAGKDGEAGAQGPPGPAGPAGERGEQGPAGSPGFQGLPGAGPPGEAGKPGEQGVPGDLGAPGPSGARGERGFPGERGVQGP
PGPAGPRGANGAPGNDGAKGDAGAPGAPGSQGAPGLQGMPGERGAAGLPGPKGDRGDAGPKGADGSPGKDGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDKGESGPSGPAGPTGARGAPGDRGEPGPPGPAGFAGPPGADGQPGAKGE
PGDAGAKGDAGPPGPAGPAGPPGPIGNVGAPGAKGARGSAGPPGATGFPGAAGRVGPPGPSGNAGPPGPPGPAGKEGGKGPRGETGPAGRPGEVGPPGPPGPAGEKGSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQRGVVGLPGQ
RGERGFPGLPGPSGEPGKQGPSGASGERGPPGPMGPPGLAGPPGESGREGAPGAEGSPGRDGSPGAKGDRGETGPAGPPGAPGAPGAPGPVGPAGKSGDRGETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPRGDKGETGEQGD
RGIKGHRGFSGLQGPPGPPGSPGEQGPSGASGPAGPRGPPGSAGAPGKDGLNGLPGPIGPPGPRGRTGDAGPVGPPGPPGPPGPPGPPGPPGPPGPPSAGFDFSFLPQPPQEKAHDGGRYYRADDANVVRDRDLEVDTTLKSLSQQI
ENIRSPEGSRKNPARTCRDLKMCHSDWKSGEYWIDPNQGCNLDAIKVFCNMETGETCVYPTQPSVAQKNWYISKNPKDKRHVWFGESMTDGFQFEYGGQGSDPADVAIQLTFLRLMSTEASQNITYHCKNSVAYMDQQ
TGNLKKALLLQGSNEIEIRAEGNSRFTYSVTVDGCTSHTGAWGKTVIEYKTTKTSRLPIIDVAPLDVGAPDQEFGFDVGPVCFL

MW:138856.570
Digest Matches (Score: 63.11)
Score = 63.110000, Rank = 2, Database = SwissProt, Accesskey = CO1A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 147 426.275 851.426 33326.000 2+ 137.532 84 37 21.800 269 - 277 GFSGLDGAK
MSMS 334 581.373 1161.572 159945.000 2+ 143.549 64 32 25.400 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 320 581.394 1161.572 159945.000 2+ 179.738 80 42 25.100 575 - 586 GQAGVMGFPGPK 6: Oxidation (M)
MSMS 755 662.527 1986.040 53603.000 3+ -238.734 8 13 33.200 760 - 781 DGVRGLTGPIGPPGPAGAPGDK
MSMS 258 691.753 2073.011 77813.000 3+ 112.749 83 41 24.100 935 - 958 GSPGADGPAGAPGTPGPQGIAGQR
MSMS 85 785.957 2356.200 44683.000 3+ -146.036 14 7 19.900 512 - 538 GSPGPAGPKGSPGEAGRPGEAGLPGAK
MSMS 318 798.774 2394.227 77760.000 3+ 33.480 16 9 25.100 1067 - 1093 GETGPAGPTGPVGPVGARGPAGPQGPR
MSMS 172 834.124 2500.222 53526.000 3+ 54.368 18 10 22.300 323 - 352 GNDGATGAAGPPGPTGPAGPPGFPGAVGAK
Histone H2B type 1-J OS=Homo sapiens GN=HIST1H2BJ PE=1 SV=3 H2B1J_HUMAN
MPEPAKSAPAPKKGSKKAVTKAQKKDGKKRKRSRKESYSIYVYKVLKQVHPDTGISSKAMGIMNSFVNDIFERIAGEASRLAHYNKRSTITSREIQTAVRLLLPGELAKHAVSEGTKAVTKYTSAK

MW:13895.580
Digest Matches (Score: 59.89)
Score = 59.890000, Rank = 3, Database = SwissProt, Accesskey = H2B1J_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 435 477.335 953.603 228297.000 2+ 62.734 29 29 27.100 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 472 477.427 953.603 228297.000 2+ 255.890 8 8 27.700 101 - 109 LLLPGELAK
MSMS 419 968.338 968.541 95617.000 1+ -209.920 15 8 26.900 118 - 126 AVTKYTSAK
MSMS 746 880.488 1759.814 46782.000 2+ 87.862 8 6 33.100 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 5: Oxidation (M)
MSMS 645 888.496 1775.809 194506.000 2+ 98.949 515 59 30.800 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
MSMS 672 592.705 1775.809 71647.000 3+ 164.152 80 21 31.300 59 - 73 AMGIMNSFVNDIFER 2: Oxidation (M) 5: Oxidation (M)
Arylsulfatase A OS=Homo sapiens GN=ARSA PE=1 SV=3 ARSA_HUMAN
MGAPRSLLLALAAGLAVARPPNIVLIFADDLGYGDLGCYGHPSSTTPNLDQLAAGGLRFTDFYVPVSLCTPSRAALLTGRLPVRMGMYPGVLVPSSRGGLPLEEVTVAEVLAARGYLTGMAGKWHLGVGPEGAFLPPH
QGFHRFLGIPYSHDQGPCQNLTCFPPATPCDGGCDQGLVPIPLLANLSVEAQPPWLPGLEARYMAFAHDLMADAQRQDRPFFLYYASHHTHYPQFSGQSFAERSGRGPFGDSLMELDAAVGTLMTAIGDLGLLEETLV
IFTADNGPETMRMSRGGCSGLLRCGKGTTYEGGVREPALAFWPGHIAPGVTHELASSLDLLPTLAALAGAPLPNVTLDGFDLSPLLLGTGKSPRQSLFFYPSYPDEVRGVFAVRTGKYKAHFFTQGSAHSDTTADPAC
HASSSLTAHEPPLLYDLSKDPGENYNLLGGVAGATPEVLQALKQLQLLKAQLDAAVTFGPSQVARGEDPALQICCHPGCTPRPACCHCPDPHA

MW:53553.680
Digest Matches (Score: 53.03)

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

Score = 53.030000, Rank = 4, Database = SwissProt, Accesskey = ARSA_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 3 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 3: Oxidation (M)
MSMS 532 705.467 1409.692 32410.000 2+ 166.930 2 9 28.700 85 - 97 MGMYPGVLVPSSR 1: Oxidation (M)
MSMS 758 575.394 1723.959 33965.000 3+ 121.064 39 9 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 756 862.657 1723.959 59120.000 2+ 201.900 384 53 33.300 98 - 114 GGLPLEEVTVAEVLAAR
MSMS 213 785.401 2354.319 90329.000 3+ -55.495 15 5 23.300 458 - 479 QLQLLKAQLDAAVTFGPSQVAR
Ephrin type-A receptor 3 OS=Homo sapiens GN=EPHA3 PE=1 SV=2 EPHA3_HUMAN
MDCQLSILLLLSCSVLDSFGELIPQPSNEVNLLDSKTIQGELGWISYPSHGWEEISGVDEHYTPIRTYQVCNVMDHSQNNWLRTNWVPRNSAQKIYVELKFTLRDCNSIPLVLGTCKETFNLYYMESDDDHGVKFREH
QFTKIDTIAADESFTQMDLGDRILKLNTEIREVGPVNKKGFYLAFQDVGACVALVSVRVYFKKCPFTVKNLAMFPDTVPMDSQSLVEVRGSCVNNSKEEDPPRMYCSTEGEWLVPIGKCSCNAGYEERGFMCQACRPG
FYKALDGNMKCAKCPPHSSTQEDGSMNCRCENNYFRADKDPPSMACTRPPSSPRNVISNINETSVILDWSWPLDTGGRKDVTFNIICKKCGWNIKQCEPCSPNVRFLPRQFGLTNTTVTVTDLLAHTNYTFEIDAVNG
VSELSSPPRQFAAVSITTNQAAPSPVLTIKKDRTSRNSISLSWQEPEHPNGIILDYEVKYYEKQEQETSYTILRARGTNVTISSLKPDTIYVFQIRARTAAGYGTNSRKFEFETSPDSFSISGESSQVVMIAISAAVA
IILLTVVIYVLIGRFCGYKSKHGADEKRLHFGNGHLKLPGLRTYVDPHTYEDPTQAVHEFAKELDATNISIDKVVGAGEFGEVCSGRLKLPSKKEISVAIKTLKVGYTEKQRRDFLGEASIMGQFDHPNIIRLEGVVT
KSKPVMIVTEYMENGSLDSFLRKHDAQFTVIQLVGMLRGIASGMKYLSDMGYVHRDLAARNILINSNLVCKVSDFGLSRVLEDDPEAAYTTRGGKIPIRWTSPEAIAYRKFTSASDVWSYGIVLWEVMSYGERPYWEM
SNQDVIKAVDEGYRLPPPMDCPAALYQLMLDCWQKDRNNRPKFEQIVSILDKLIRNPGSLKIITSAAARPSNLLLDQSNVDITTFRTTGDWLNGVWTAHCKEIFTGVEYSSCDTIAKISTDDMKKVGVTVVGPQKKII
SSIKALETQSKNGPVPV

MW:110060.070
Digest Matches (Score: 35.86)
Score = 35.860000, Rank = 5, Database = SwissProt, Accesskey = EPHA3_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 205 394.759 788.524 123565.000 2+ -16.838 15 35 23.100 964 - 970 KIISSIK
Antigen KI-67 OS=Homo sapiens GN=MKI67 PE=1 SV=2 KI67_HUMAN
MWPTRRLVTIKRSGVDGPHFPLSLSTCLFGRGIECDIRIQLPVVSKQHCKIEIHEQEAILHNFSSTNPTQVNGSVIDEPVRLKHGDVITIIDRSFRYENESLQNGRKSTEFPRKIREQEPARRVSRSSFSSDPDEKAQ
DSKAYSKITEGKVSGNPQVHIKNVKEDSTADDSKDSVAQGTTNVHSSEHAGRNGRNAADPISGDFKEISSVKLVSRYGELKSVPTTQCLDNSKKNESPFWKLYESVKKELDVKSQKENVLQYCRKSGLQTDYATEKES
ADGLQGETQLLVSRKSRPXSGGSGHAVAEPASPEQELDQNKGKGRDVESVQTPSKAVGASPFLYEPAKMKTPVQYSQQQNSPQKHNKDLYTTGRRESVNLGKSEGFKAGDKTLTPRKLSTRNRTPAKVEDAADSATK
PENLSSKTRGSIPTDVEVLPTETEIHNEPFLTLWLTQVERKIQKDSLSKPEKLGTTAGQMCSGLPGLSSVDINNFGDSINESEGIPLKRRRVSPGGHLRPELFDENLPPNTPLKRGEAPTKRKSLVMHTPPVLKKIIK
EQPQPSGKQESGSEIHVEVKAQSLVISPPAPSPRKTPVASDQRRRSCKTAPASSSKSQTEVPKRGGRKSGNLPSKRVSISRSQHDILQMICSKRRSGASEANLIVAKSWADVVKLGAKQTQTKVIKHGPQRSMNKRQR
RPATPKKPVGEVHSQFSTGHANSPCTIIIGKAHTEKVHVPARPYRVLNNFISNQKMDFKEDLSGIAEMFKTPVKEQPQLTSTCHIAISNSENLLGKQFQGTDSGEEPLLPTSESFGGNVFFSAQNAAKQPSDKCSASP
PLRRQCIRENGNVAKTPRNTYKMTSLETKTSDTETEPSKTVSTANRSGRSTEFRNIQKLPVESKSEETNTEIVECILKRGQKATLLQQRREGEMKEIERPFETYKENIELKENDEKMKAMKRSRTWGQKCAPMSDLTD
LKSLPDTELMKDTARGQNLLQTQDHAKAPKSEKGKITKMPCQSLQPEPINTPTHTKQQLKASLGKVGVKEELLAVGKFTRTSGETTHTHREPAGDGKSIRTFKESPKQILDPAARVTGMKKWPRTPKEEAQSLEDLAG
FKELFQTPGPSEESMTDEKTTKIACKSPPPESVDTPTSTKQWPKRSLRKADVEEEFLALRKLTPSAGKAMLTPKPAGGDEKDIKAFMGTPVQKLDLAGTLPGSKRQLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGHTEELVA
AGKTTKIPCDSPQSDPVDTPTSTKQRPKRSIRKADVEGELLACRNLMPSAGKAMHTPKPSVGEEKDIIIFVGTPVQKLDLTENLTGSKRRPQTPKEEAQALEDLTGFKELFQTPGHTEEAVAAGKTTKMPCESSPPES
ADTPTSTRRQPKTPLEKRDVQKELSALKKLTQTSGETTHTDKVPGGEDKSINAFRETAKQKLDPAASVTGSKRHPKTKEKAQPLEDLAGLKELFQTPVCTDKPTTHEKTTKIACRSQPDPVDTPTSSKPQSKRSLRKV
DVEEEFFALRKRTPSAGKAMHTPKPAVSGEKNIYAFMGTPVQKLDLTENLTGSKRRLQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTRGHTEESMTNDKTAKVACKSSQPDPDKNPASSKRRLKTSLGKVGVKEELLAVGKLTQTS
GETTHTHTEPTGDGKSMKAFMESPKQILDSAASLTGSKRQLRTPKGKSEVPEDLAGFIELFQTPSHTKESMTNEKTTKVSYRASQPDLVDTPTSSKPQPKRSLRKADTEEEFLAFRKQTPSAGKAMHTPKAVGEEKD
INTFLGTPVQKLDQPGNLPGSNRRLQTRKEKAQALEELTGFRELFQTPCTDNPTTDEKTTKILCKSPQSDPADTPTNTKQRPKRSLKKADVEEEFLAFRKLTPSAGKAMHTPKAAVGEEKDINTFVGTPVEKLDLLG
NLPGSKRRPQTPKEKAKALEDLAGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPDPVKTPTSSKQRLKISLGKVGVKEEVLPVGKLTQTSGKTTQTHRETAGDGKSIKAFKESAKQMLDPANYGTGMERWPRTPKEEA
QSLEDLAGFKELFQTPDHTEESTTDDKTTKIACKSPPPESMDTPTSTRRRPKTPLGKRDIVEELSALKQLTQTTHTDKVPGDEDKGINVFRETAKQKLDPAASVTGSKRQPRTPKGKAQPLEDLAGLKELFQTPICTD
KPTTHEKTTKIACRSPQPDPVGTPTIFKPQSKRSLRKADVEEESLALRKRTPSVGKAMDTPKPAGGDEKDMKAFMGTPVQKLDLPGNLPGSKRWPQTPKEKAQALEDLAGFKELFQTPGTDKPTTDEKTTKIACKSPQ
PDPVDTPASTKQRPKRNLRKADVEEEFLALRKRTPSAGKAMDTPKPAVSDEKNINTFVETPVQKLDLLGNLPGSKRQPQTPKEKAEALEDLVGFKELFQTPGHTEESMTDDKITEVSCKSPQPESFKTSRSSKQRLKI
PLVKVDMKEEPLAVSKLTRTSGETTQTHTEPTGDSKSIKAFKESPKQILDPAASVTGSRRQLRTRKEKARALEDLVDFKELFSAPGHTEESMTIDKNTKIPCKSPPPELTDTATSTKRCPKTRPRKEVKEELSAVERL
TQTSGQSTHTHKEPASGDEGIKVLKQRAKKPNPVEEEPSRRRPRAPKEKAQPLEDLAGFTELSETSGHTQESLTAGKATKIPCESPPLEVVDTTASTKRHLRTRVQKVQVKEEPSAVKFTQTSGETTDADKEPAGED
KGIKALKESAKQTPAPAASVTGSRRRPRAPRESAQAIEDLAGFKDPAAGHTEESMTDDKTTKIPCKSSPELEDTATSSKRRPRTRAQKVEVKEELLAVGKLTQTSGETTHTDKEPVGEGKGTKAFKQPAKRKLDAEDV
IGSRRQPRAPKEKAQPLEDLASFQELSQTPGHTEELANGAADSFTSAPKQTPDSGKPLKISRRVLRAPKVEPVGDVVSTRDPVKSQSKSNTSLPPLPFKRGGGKDGSVTGTKRLRCMPAPEEIVEELPASKQRVAPR
ARGKSSEPVVIMKRSLRTSAKRIEPAEELNSNDMKTNKEEHKLQDSVPENKGISLRSRRQNKTEAEQQITEVFVLAERIEINRNEKKPMKTSPEMDIQNPDDGARKPIPRDKVTENKRCLRSARQNESSQPKVAEESG
GQKSAKVLMQNQKGKGEAGNSDSMCLRSRKTKSQPAASTLESKSVQRVTRSVKRCAENPKKAEDNVCVKKIRTRSHRDSEDI

MW:358473.700
Digest Matches (Score: 35.05)
Score = 35.050000, Rank = 6, Database = SwissProt, Accesskey = KI67_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 410 766.012 1530.741 132445.000 2+ 180.376 17 35 26.600 1044 - 1056 FTRTSGETTHTHR
MSMS 100 996.136 1990.921 32654.000 2+ 172.809 3 14 20.500 2101 - 2118 IACKSPPPESMDTPTSTR 3: Carbamidomethyl (C) 11: Oxidation (M)
Small nuclear ribonucleoprotein Sm D1 OS=Homo sapiens GN=SNRPD1 PE=1 SV=1 SMD1_HUMAN
MKLVRFLMKLSHETVTIELKNGTQVHGTITGVDVSMNTHLKAVKMTLKNREPVQLETLSIRGNNIRYFILPDSLPLDTLLVDVEPKVKSKKREAVAGRGRGRGRGRGRGRGRGRGRGPRR

MW:13273.360
Digest Matches (Score: 34.03)
Score = 34.030000, Rank = 7, Database = SwissProt, Accesskey = SMD1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 9491144.182 2287.247 84620.000 2+ 47.917 18 34 38.100 67 - 86 YFILPDSLPLDTLLVDVEPK
Vasculin OS=Homo sapiens GN=GPBP1 PE=1 SV=1 GPBP1_HUMAN
MAQHDFAPAWLNFPTPPSSTKSSLNFEKHSENFAWTENRYDVNRRRHNSSDGFDSAIGRPNGGNFGRKEKNGWRTHGRNGTENINHRGGYHGGSSRSRSSIPHAGKSQGLHENNIPDNETGRKEDKRERKQFEAEDFP
SLNPEYEREPNHNKSLAAGVWEYPPNPKSRAPRMLVIKKGNTKDLQLSGFPVVGNLPSQPVKNGTGPSVYKGLVPKPAAPPTKPTQWKSQTKENKVGTSFPHESTFGVGNFNAFKSTAKNFSPSTNSVKECNRSNSSS
PVDKLNQQPRLTKLTRMRTDKKSEFLKALKRDRVEEEHEDESRAGSEKDDDSFNLHNSNSTHQERDINRNFDENEIPQENGNASVISQQIIRSSTFPQTDVLSSSLEAEHRLLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMRE
FQVISEQLQKNGLRKNGILKNGLICDFKFGPWKNSTFKPTTENDDTETSSSDTSDDDDV

MW:53306.930
Digest Matches (Score: 33.30)
Score = 33.300000, Rank = 8, Database = SwissProt, Accesskey = GPBP1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 257 547.327 1639.749 60402.000 3+ 132.521 71 33 24.100 258 - 271 NFSPSTNSVKECNR 12: Carbamidomethyl (C)
MSMS 4991029.161 3085.307 58725.000 3+ 52.324 11 3 28.100 388 - 413 LLKEMGWQEDSENDETCAPLTEDEMR 25: Oxidation (M)
Collagen alpha-1(II) chain OS=Homo sapiens GN=COL2A1 PE=1 SV=3 CO2A1_HUMAN
MIRLGAPQTLVLLTLLVAAVLRCQGQDVQEAGSCVQDGQRYNDKDVWKPEPCRICVCDTGTVLCDDIICEDVKDCLSPEIPFGECCPICPTDLATASGQPGPKGQKGEPGDIKDIVGPKGPPGPQGPAGEQGPRGDRG
DKGEKGAPGPRGRDGEPGTPGNPGPPGPPGPPGPGLGGNFAAQMAGGFDEKAGGAQLGVMQGPMGPMGPRGPPGPAGAPGPQGFQGNPGEPGEPGVSGPMGPRGPPGPPGHGDDGEAGKPGKAGERGPPGPQGARG
FPGTPGLPGVKGHRGYPGLDGAKGEAGAPGVKGESGSPGENGSPGPMGPRGLPGERGRTGPAGAAGARGNDGQPGPAGPPGPVGPAGGPGFPGAPGAKGEAGPTGARGPEGAQGPRGEPGTPGSPGPAGASGNPGTDG
IPGAKGSAGAPGIAGAPGFPGPRGPPGPQGATGPLGPKGQTGEPGIAGFKGEQGPKGEPGPAGPQGAPGPAGEEGKRGARGEPGGVGPIGPPGERGAPGNRGFPGQDGLAGPKGAPGERGPSGLAGPKGANGDPGRPG
EPGLPGARGLTGRPGDAGPQGKVGPSGAPGEDGRPGPPGPQGARGQPGVMGFPGPKGANGEPGKAGEKGLPGAPGLRGLPGKDGETGAAGPPGPAGPAGERGEQGAPGPSGFQGLPGPPGPPGEGGKPGDQGVPGEAG
APGLVGPRGERGFPGERGSPGAQGLQGPRGLPGTPGTDGPKGASGPAGPPGAQGPPGLQGMPGERGAAGIAGPKGDRGDVGEKGPEGAPGKDGRGLTGPIGPPGPAGANGEKGEVGPPGPAGSAGARGAPGERGETG
PPGPAGPAGPPGADGQPGAKGEQGEAGQKGDAGAPGPQGPSGAPGPQGPTGVTGPKGARGAQGPPGATGFPGAAGRVGPPGSNGNPGPPGPPGSGKDGPKGARGDSGPPGRAGEPGLQGPAGPPGEKGEPGDDGPSG
AEGPPGPQGLAQGRGIVGLPQQRGERGFPGLPGPSGEPGKQGAPGASGDRGPPGPVGPPGLTGPAGEPGREGSPGADGPPGRDGAAGVKGDRGETGAVGAPGAPGPPGSPGPAGPTGKQGDRGEAGAQGPMGPSGPAG
ARGIQGPQGPRGDKGEAGEPGERGLKGHRGFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPRGPPGPVGPSGKDGANGIPGPIGPPGPRGRSGETGPAGPPGNPGPPGPPGPPGPGIDMSAFAGLGPREKGPDPLQYMRAD
QAAGGLRQHDAEVDATLKSLNNQIESIRSPEGSRKNPARTCRDLKLCHPEWKSGDYWIDPNQGCTLDAMKVFCNMETGETCVYPNPANVPKKNWWSSKSKEKKHIWFGETINGGFHFSYGDDNLAPNTANVQMTFLRL
LSTEGSQNITYHCKNSIAYLDEAAGNLKKALLIQGSNDVEIRAEGNSRFTYTALKDGCTKHTGKWGKTVIEYRSQKTSRLPIIDIAPMDIGGPEQEFGVDIGPVCFL

MW:141698.500
Digest Matches (Score: 33.25)
Score = 33.250000, Rank = 9, Database = SwissProt, Accesskey = CO2A1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 402 891.837 2673.302 117287.000 3+ 72.907 26 33 26.500 1134 - 1163 GFTGLQGLPGPPGPSGDQGASGPAGPSGPR
Sprouty-related, EVH1 domain-containing protein 1 OS=Homo sapiens GN=SPRED1 PE=1 SV=2 SPRE1_HUMAN
MSEETATSDNDNSYARVRAVVMTRDDSSGGWLPLGGSGLSSVTVFKVFHQEENGCADFFIRGERLRDKMVVLECMLKKDLIYNKVTPTFHHWKIDDKKFGLTFQSPADARAFDRGIRRAIEDISQGCPESKNEAEGAD

Spectrum Analysis Report
Date: 10/11/2011 Time: 13:04
FileName: H:\Franken\100519\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.d\Stephie_Probe2_BD2_01_7288.mgf

DLQANEEDSSSSLVKDHLFQQETVVTSEPYRSSNIRPSPFEDLNARRVYMQSQANQITFGQPGLDIQSRSMEYVQRQISKECGSLKSQNRVPLKSIRHVSFQDEDEIVRINPRDILIRRYADYRHPDMWKNDLERDDA
DSSIQFSKPDSKKSDYLYSCGDETKLSSPKDSVVFKTQPSSLKIKKSKRRKEDGERSRCVYCQERFNHEENVRGKCQDAPDPIKRCIYQVSCMLCAESMLYHCMSDSEGDFSDPCSCDTSDDKFCLRWLALVALSFIV
PCMCCYVPLRMCHRCGEACGCCGGKHKAAG

MW:50444.160
Digest Matches (Score: 29.10)
Score = 29.100000, Rank = 10, Database = SwissProt, Accesskey = SPRE1_HUMAN
Search Parameters: MS Tol.:300.00 ppm, MSMS Tol.:1.100000Da, Enz.Trypsin, Engine:Mascot Version:2.3.01.241, DB:SwissProt, DB Version:SwissProt_2011_09.fasta
Entries: Meas. M/z Calc. MH+ Int. z Dev.(ppm) Score MascotScore Rt(min) Range Sequence
MSMS 291 812.501 812.535 79061.000 1+ -42.180 13 6 24.600 229 - 235 VPLKSIR
MSMS 908 529.769 1587.541 75962.000 3+ -156.778 4 7 36.900 425 - 439 MCHRCGEACGCCGGK 1: Oxidation (M) 2: Carbamidomethyl (C)
MSMS 257 547.327 1639.745 60402.000 3+ 135.389 65 29 24.100 274 - 288 DDADSSIQFSKPDSK

8.1.4 Liste der Proteine aus der Untersuchung der Eluate von HDGF Strep-tag mit Bcl-2 cds und VL in der LTQ-Orbitrap

Tabelle 8-1: Liste der identifzierten Proteine aus jeweils drei biologischen Replikaten der Eluate von HDGF-Strep-tag mit Bcl-2 cds und VL mRNA. Gekennzeichnet sind neben der Proteinbezeichnung und der Uniprot ID die in der VL-Probe signifikant angereicherten Proteine sowie die Kontaminanten und die Proteine, die in beiden Proben gleichermaßen identifiziert werden konnten (keine Kontaminanten und im t-test nicht signifikant).

Kontaminante	t-test Signifikant	Peptide	Einzige Peptide	-Log t-test p-Wert	t-test Differenz	Protein Namen	Uniprot ID
+		2	2	0,549207712	-2,94778951		P00761
+		11	2	0,835139773	-0,46568044	Cytokeratin-14	P02533
+		15	0	1,31693631	-0,590761185	Cytokeratin-6A	P02538
+		1	1	0,279917098	-0,495806376		P02666
+		2	1	0,448671729	-0,425966899	Putative uncharacterized protein ALB	A6NBZ8
+		4	3	0,846542735	-1,41828537		P02769
+		13	7	0,535370601	-0,461759567	Cytokeratin-16	P08779
+		26	21	1,79273294	-0,554592133	Cytokeratin-10	P13645
+		12	2	1,233617929	-0,802002589	58 kDa cytokeratin	P13647
+		27	16	1,46319871	-0,623260498	Cytokeratin-2e	P35908
+		2	2	0,040011459	0,108090719	Beta-actin	A1E282
+		7	1	0,130011437	0,196255366	Cytokeratin-17	Q9QWL7
+		4	0	0,535217511	0,791484833	Cytokeratin-73	Q6NXH9
+		1	1	0,665587805	-2,410044352		
		2	2	0,12988787	0,350688299	60S ribosomal protein L1	P36578
	+	4	4	3,823737705	6,58659935	60S acidic ribosomal protein P2	P05387
		2	2	0,02684013	0,114751816	60S acidic ribosomal protein P0	P05388
		1	1	0,207281341	0,65457948	B(2)GCN homolog	P56537
		1	1	0,680887315	1,254874865	Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein R	O43390
		1	1	0,159122449	0,559679985	60S ribosomal protein L8	P62917
		1	1	0,627222794	-1,178085327	40S ribosomal protein S7	P62081
		1	1	0,587402772	0,953838348	40S ribosomal protein S2	P15880
		1	1	0,333517944	0,85825634	40S ribosomal protein S12	P25398
		2	2	0,055456027	-0,162213326	Hemidesmosomal protein 1	Q15149
+		34	33	0,29070661	0,190619787	Cytokeratin-9	P35527
	+	6	6	2,479481621	6,124124527	Histone H2B	B4DR52
	+	10	10	2,613283994	4,696397146	Hepatoma-derived growth factor	P51858
	+	3	3	3,181008003	3,35607338	Putative uncharacterized protein RPL23A	A8MUS3
		2	2	0,509536072	1,124094645	40S ribosomal protein S11	P62280
	+	2	2	4,129289375	3,733919779	60S ribosomal protein L19	P84098
		2	2	0,380731134	0,894341787	60S ribosomal protein L18a	Q02543
		2	2	0,673390672	1,654894193	Histone H2A type 1	P0C0S8
	+	3	3	2,286198188	4,442492803	60S ribosomal protein L31	P62899
	+	4	4	2,665714862	3,890903473	60S ribosomal protein L26	P61254
	+	3	3	3,29100988	3,354204814	60S ribosomal protein L7	A8MY04
		2	2	0,769145935	1,321287791	CCAAT-binding transcription factor I subunit A	P67809
		1	1	0,683851022	2,304936091	cDNA FLJ78093	A8K0H3
		2	2	0,570720824	1,306927999	60S ribosomal protein L14	P50914
	+	3	3	3,620662762	6,155094147	Histone H3.3	P84243
	+	2	2	2,707096213	3,436056137	60S ribosomal protein L18	Q07020
	+	2	2	2,616636909	3,221026738	40S ribosomal protein S8	P62241
	+	4	2	2,235884992	3,88795503	Histone H1.2	P16403
		3	1	0,871422603	1,056597074	Histone H1.4	P10412
	+	4	3	2,119531806	2,735989571	Histone H1.5	P16401
	+	2	2	2,002133752	3,004191081	60S ribosomal protein L22	P35268
		1	1	0,319824979	0,844758034	60S ribosomal protein L27	P61353
		2	2	0,931905387	1,945975939	60S ribosomal protein L30	A8MYX5
		2	2	0,66987089	1,45909373	60S ribosomal protein L34	P49207
+		32	18	0,558733103	-0,314201991	67 kDa cytokeratin	P04264
	+	3	3	4,592307111	4,440872192	Nucleolar phosphoprotein B23	P06748-1
		3	3	0,804969021	2,136748314	86 kDa subunit of Ku antigen	P13010
		1	1	0,245724969	-0,378451665	40S ribosomal protein S9	P46781
		1	1	0,213073467	0,521253586	RPS16 protein	Q6IPX4
	+	2	2	4,130187449	3,545353572	60S ribosomal protein L21	P46778
		1	1	0,247525625	-0,450265884	Coiled-coil domain-containing protein 40	Q4G0X9-1
		1	1	0,375197617	0,877541542	18 kDa Alu RNA-binding protein	P37108
	+	3	3	2,35410812	4,666424751	60S ribosomal protein L7a	P62424
		1	1	0,029954271	0,146375338	23 kDa highly basic protein	P40429
		2	2	0,396721124	0,716265361	60S ribosomal protein L24	P83731
		1	1	0,110062088	0,183540344	Ally of AML-1 and LEF-1	Q86V81
		1	1	0,473548893	1,585530917	60S ribosomal protein L6	B2R4K7
		1	1	0,449763983	1,375701904	60S ribosomal protein L11	P62913-1
	+	4	4	2,183578991	3,378061295	60S ribosomal protein L13	P26373
	+	2	2	2,242342232	2,835030238	40S ribosomal protein S26	P62854
	+	8	8	3,915606721	6,007025083	60S ribosomal protein L10a	P62906
	+	4	4	3,582034394	4,839458148	60S ribosomal protein L17	P18621
	+	2	2	3,763734121	4,90167141	40S ribosomal protein S3a	P61247
	+	3	3	2,989183902	5,422154427	Histone H4	P62805
		1	1	0,542688993	1,517316182	60S ribosomal protein L27a	P46776
		1	1	0,070517977	0,312310855	60S ribosomal protein L15	P61313
	+	5	5	3,122622514	4,184467316	60S ribosomal protein L3	P39023
	+	24	24	3,976966051	8,730750084	Nucleolin	P19338
		2	2	1,137859298	1,752509435	70 kDa subunit of Ku antigen	P12956
	+	2	2	1,043601785	5,257054647	LOC728741 protein	B2RXF8

8.2 Kontrolle der Gesamt-RNA für die quantitative Real-time PCR

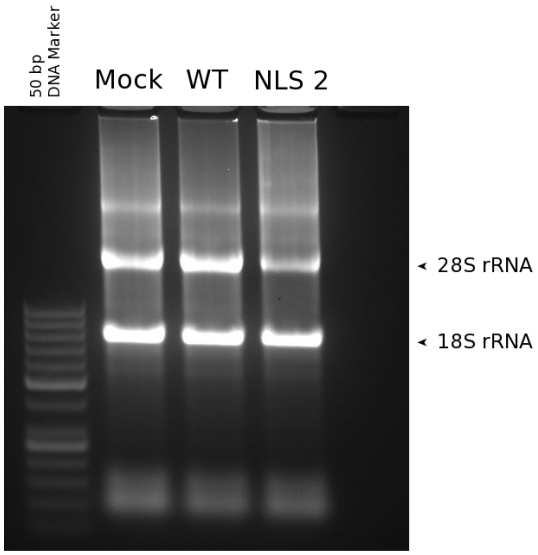
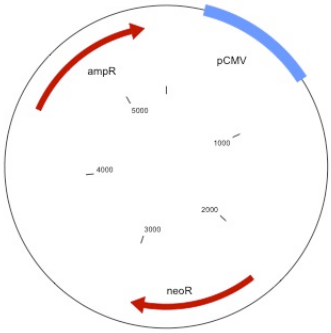


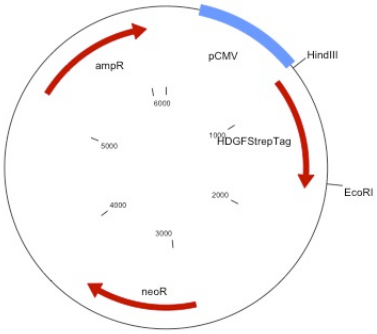
Abbildung 8-14: Analyse der Gesamt-RNA für die Real-time PCR.

Die zum Umschreiben in cDNA für die quantitative PCR verwendete Gesamt-RNA wurde im Agarosegel (2 %) untersucht. Es sind bei allen verwendeten Proben (Mock = transfizierter Leervektor, WT = murine HDGFcDNA, NLS 2 = Mutante der NLS 2-Sequenz von murinem HDGF) die beiden Banden für die ribosomale RNA zu detektieren.

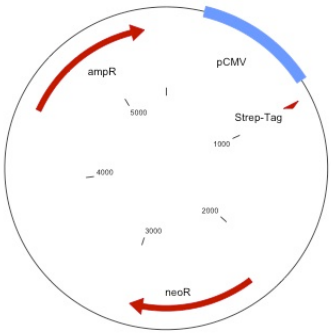
8.3 Vektorkarten



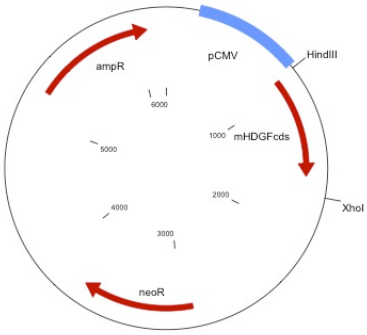
P9 pCDNA3 (6169 bp)



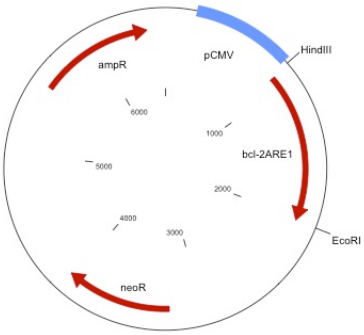
SF-32 mHDGF Strep-tag_pCDNA3 (6169 bp)



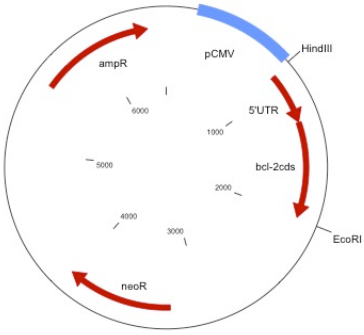
SF-48 Strep-tag_pCDNA3 (5465 bp)



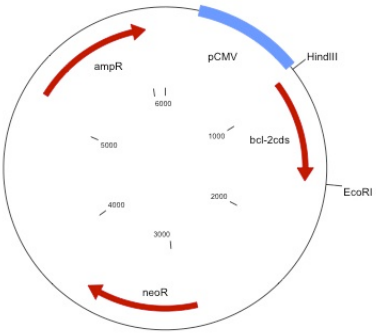
SF-274 mHDGFcds_pCDNA3 (6212 bp)



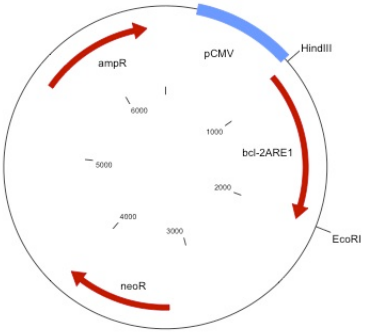
SF-627 Bcl-2cds mit ARE1_pCDNA3 (6531 bp)



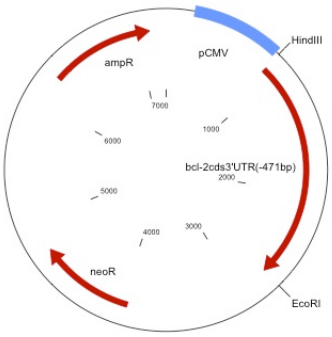
SF-639 Bcl-2cds mit 5'UTR_pCDNA3 (6527 bp)



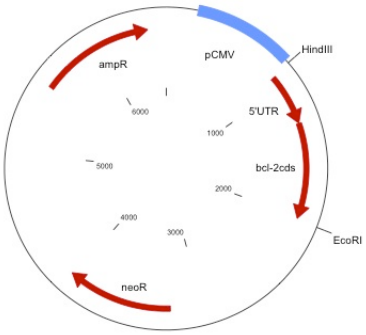
SF-626 Bcl-2 cds_pCDNA3 (6140 bp)



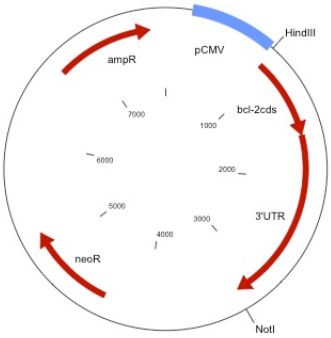
SF-627 Bcl-2cds mit ARE1_pCDNA3 (6531 bp)



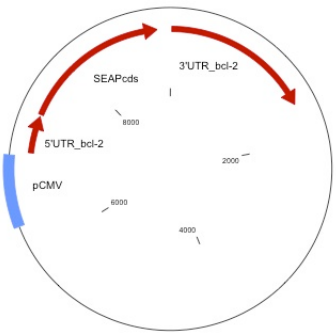
SF-628 Bcl-2 cds mit 3'UTR (-471bp)_pCDNA3 (7235 bp)



SF-639 Bcl-2 cds mit 5'UTR_pCDNA3 (6527 bp)



SF-640 Bcl-2 cds mit 3'UTR_pCDNA3 (7688 bp)



SF-643 SEAP cds mit Bcl-2 3' und 5'UTR_pCDNA3 (9077 bp)

Erklärung

An Eides statt versichere ich, dass die vorgelegte Arbeit - abgesehen von den ausdrücklich bezeichneten Hilfsmitteln - persönlich, selbstständig und ohne Benutzung anderer als der angegebenen Hilfsmittel angefertigt wurde,

die aus anderen Quellen direkt oder indirekt übernommenen Daten und Konzepte unter Angabe der Quelle kenntlich gemacht sind,

die vorgelegte Arbeit oder ähnliche Arbeiten nicht bereits anderweitig als Dissertation eingereicht worden ist bzw. sind, sowie eine Erklärung über frühere Promotionsversuche und deren Resultate,

für die inhaltlich-materielle Erstellung der vorgelegten Arbeit keine fremde Hilfe, insbesondere keine entgeltliche Hilfe von Vermittlungs- bzw. Beratungsdiensten (Promotionsberater oder andere Personen) in Anspruch genommen wurde sowie keinerlei Dritte vom Doktoranden unmittelbar oder mittelbar geldwerte Leistungen für Tätigkeiten erhalten haben, die im Zusammenhang mit dem Inhalt der vorgelegten Arbeit stehen.

Bonn, den 17.10.2011 .....

(Stephanie Bremer)